

JP06062866A

MicroPatent Report

MUTANT ASPARTOKINASE GENE

<p>[71] Applicant: AJINOMOTO CO INC</p> <p>[72] Inventors: SUGIMOTO MASAKAZU; OGAWA YURI; SUZUKI TOMOKO; TANAKA AKIKO . . .</p> <p>[21] Application No.: JP05101450</p> <p>[22] Filed: 19930427</p> <p>[43] Published: 19940308</p> <p>[30] Priority: JP 04110292 19920428</p> <p><u>Go to Fulltext</u></p>	<p>[No drawing]</p>
<p>[57] Abstract:</p> <p>PURPOSE: To provide a mutant aspartokinase gene originated from microorganism of the genus Corynebacterium. CONSTITUTION: The present invention relates to an aspartokinase originated from a bacterial strain of the genus Corynebacterium to be used in the fermentative production of amino acid, etc., a DNA fragment coding the enzyme, a recombinant DNA containing the DNA fragment and a bacterial strain of the genus Corynebacterium containing the recombinant DNA. L- lysine can be produced by culturing the microorganism.</p> <p>[51] Int'l Class: C12N01554 C12N00912 C12P01308 C12N01554 C12R00113 C12N01554 C12R00115 C12N00912 C12R00115</p>	

(19)日本国特許庁 (J P)

(12) 公 開 特 許 公 報 (A)

(11)特許出願公開番号

特開平6-62866

(43)公開日 平成6年(1994)3月8日

(51)Int.Cl. ⁵	識別記号	庁内整理番号	F I	技術表示箇所
C 1 2 N 15/54	Z N A	9359-4B		
9/12		8931-4B		
// C 1 2 P 13/08	A	8931-4B		
(C 1 2 N 15/54		8931-4B	C 1 2 N 15/ 00	Z N A A

審査請求 未請求 請求項の数9(全 28 頁) 最終頁に続く

(21)出願番号	特願平5-101450	(71)出願人	000000066 味の素株式会社 東京都中央区京橋1丁目15番1号
(22)出願日	平成5年(1993)4月27日	(72)発明者	杉本 雅一 神奈川県川崎市川崎区鈴木町1-1 味の 素株式会社中央研究所内
(31)優先権主張番号	特願平4-110292	(72)発明者	尾川 由理 神奈川県川崎市川崎区鈴木町1-1 味の 素株式会社中央研究所内
(32)優先日	平4(1992)4月28日	(72)発明者	鈴木 智子 神奈川県川崎市川崎区鈴木町1-1 味の 素株式会社中央研究所内
(33)優先権主張国	日本 (J P)		

最終頁に続く

(54)【発明の名称】 変異型アスパルトキナーゼ遺伝子

(57)【要約】 (修正有)

【目的】 コリネバクテリウム属由来の新規な変異型アスパルトキナーゼ遺伝子を提供する。

【構成】 アミノ酸などの発酵生産に用いられているコリネバクテリウム属細菌由来の新規なアスパルトキナーゼ及び該酵素をコードするDNA断片に関し、また、該DNA断片を含有する組み換えDNAに関する。さらに、該組み換えDNAを保有するコリネバクテリウム属細菌に関し、該微生物を培養することを特徴とするレージンの製造法に関する。

【特許請求の範囲】

【請求項1】 配列表の配列番号4記載のアミノ酸配列あるいは配列番号4記載アミノ酸配列の279番目のThr残基がAla以外かつ酸性アミノ酸以外のアミノ酸残基に変化した配列を有する、コリネバクテリウム属細菌由来でありL-リジン及びL-スレオニンによる相乗的なフィードバック阻害が実質的に解除されるアスパルトキナーゼ α サブユニット蛋白質をコードするDNA断片。

【請求項2】 配列表の配列番号6記載のアミノ酸配列あるいは配列番号6記載アミノ酸配列の30番目のThr残基がAla以外かつ酸性アミノ酸以外のアミノ酸残基に変化した配列を有する、コリネバクテリウム属細菌由来でありL-リジン及びL-スレオニンによる相乗的なフィードバック阻害が実質的に解除されるアスパルトキナーゼ β サブユニット蛋白質をコードするDNA断片。

【請求項3】 配列表の配列番号12記載の塩基配列を有するものである請求項1記載のDNA断片。

【請求項4】 配列表の配列番号14記載の塩基配列を有するものである請求項2記載のDNA断片。

【請求項5】 請求項1から4のいずれか1項に記載されたDNA断片を含有し、コリネバクテリウム属の微生物中で複製可能な組み換えDNA。

【請求項6】 請求項5に記載された組み換えDNAが、コリネバクテリウム属の微生物に導入されて得られるアスパルトキナーゼ比活性が親株の2-20倍に上昇し、かつアスパルトキナーゼ活性のL-リジン及びL-スレオニンによる相乗的なフィードバック阻害あるいはL-リジン単独によるフィードバック阻害が実質的に解除された形質転換体。

【請求項7】 請求項6に記載された形質転換体を好適な培地に培養し、生じたL-リジンを分離することを特徴とするL-リジンの製造法。

【請求項8】 配列表の配列番号4記載のアミノ酸配列あるいは配列番号4記載アミノ酸配列の279番目のThr残基がAla以外かつ酸性アミノ酸以外のアミノ酸残基に変化した配列を有する、コリネバクテリウム属細菌由来でありL-リジン及びL-スレオニンによる相乗的なフィードバック阻害が実質的に解除されるアスパルトキナーゼ α サブユニット蛋白質。

【請求項9】 配列表の配列番号6記載のアミノ酸配列あるいは配列番号6記載アミノ酸配列の30番目のThr残基がAla以外かつ酸性アミノ酸以外のアミノ酸残基に変化した配列を有する、コリネバクテリウム属細菌由来でありL-リジン及びL-スレオニンによる相乗的なフィードバック阻害が実質的に解除されるアスパルトキナーゼ β サブユニット蛋白質。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【産業上の利用分野】 本発明は、アミノ酸などの発酵生産に用いられているコリネバクテリウム属細菌由来の新

規なアスパルトキナーゼ及び該酵素をコードするDNA断片に関し、また、該DNA断片を含有する組み換えDNAに関する。さらに本発明は、該組み換えDNAを保有するコリネバクテリウム属細菌に関し、該微生物を培養することを特徴とするL-リジンの製造法に関する。

【0002】

【従来の技術】 飼料添加物として用いられているL-リジンは通常、コリネ型細菌のL-リジン生産変異株を使って発酵法により生産されている。現在知られている種々のL-リジン生産菌はコリネ型細菌の野生株の人工変異により作られている。このような人工変異株としては次の様なものがある。S-(2-アミノエチル)-システイン（以下、AECと略記する）耐性変異株、その成長にL-ホモセリン等のアミノ酸を必要とする変異株（特公昭48-28078号、特公昭56-6499号）、AECに耐性を示し、更にL-ロイシン、L-ホモセリン、L-プロリン、L-セリン、L-アルギニン、L-アラニン、L-バリン等のアミノ酸を要求する変異株（米国特許第3708395号及び第3825472号）、DL- α -アミノ- ϵ -カプロラクタム、 α -アミノ- γ -ラウリルラクタム、アスパラギン酸-アナログ、スルファ剤、キノイド、N-ラウロイルロイシンに耐性を示すL-リジン生産変異株、オキサロ酢酸脱炭酸酵素（デカルボキシラーゼ）または呼吸系酵素阻害剤の耐性を示すL-リジン生産変異株（特開昭50-53588号、特開昭50-31093号、特開昭52-102498号、特開昭53-9394号、特開昭53-86089号、特開昭55-9783号、特開昭55-9759号、特開昭56-32995号、特開昭56-39778号、特公昭53-43591号、特公昭53-1833号）、イノシールまたは酢酸を要求するL-リジン生産変異株（特開昭55-9784号、特開昭56-8692号）、フルオロビリン酸または34℃以上の温度に対して感受性を示すL-リジン生産変異株（特開昭55-9783号、特開昭53-86090号）、エチレングリコールに耐性を示し、L-リジンを生産するプレバクテリウム属またはコリネバクテリウム属の生産変異株（米国特許出願第333455号）。

【0003】 さらに、先行技術には組み換えベクターを用いて形質転換されたエシェリヒア・コリ株が開示され、この株はアミノ酸の生産を増加する（米国特許第4278765号参照）。

【0004】 一方、プレバクテリウム属及びコリネバクテリウム属においては菌体内で自律増殖可能でかつ、薬剤耐性マーカー遺伝子を有するベクタープラスミド（米国特許願第386980号参照）、遺伝子の菌体への導入方法（特開平2-207791号等）が開示されており、これらの技術を用いたL-スレオニンまたはL-イソロイシン生産菌育成の可能性が開示されている（米国特許願376396号、及び第392145号参照）。また、L-リジン生産菌育成に関しても、ベクタープラスミドにL-リジン生合成に関与する遺伝子を組み込み、菌体内で増幅させる技術（特開昭56-160997号などがある）があるが、遺伝子

をアスパルトキナーゼ（以下AKと記す）と特定し、かつ、L-リジンおよびL-スレオニンによるフィードバック阻害が実質的に解除するようなAK遺伝子上の変異点を明示し、かつその変異がL-リジンの生産性と直接に関与することを明示した例はない。また、変異型AK遺伝子の記載がある例でも、変異型AK遺伝子を安定なプラスミドとして保持させることができていない（Crem er, J. *et al*; Applied and Environmental Microbiolog y, June 1991, p. 1746-1752参照）。

【0005】

【発明が解決しようとする課題】本発明の課題は、コリネバクテリウム属細菌の微生物中のリジン生合成の重要な酵素であるAKをL-リジン及びL-スレオニンによるフィードバック阻害、さらにリジン単独によるフィードバック阻害を解除した性質のものに改質し、かつその活性を上昇させることにより、L-リジンの生成・分泌速度が高まったものに改良することである。

【0006】

【課題を解決するための手段】本発明者らは鋭意研究の結果、コリネバクテリウム属細菌より変異型AK遺伝子を取得することに成功し、本発明を完成させた。すなわち本願発明は、配列表の配列番号4記載のアミノ酸配列あるいは配列番号4記載アミノ酸配列の279番目のThr残基がAla以外かつ酸性アミノ酸以外のアミノ酸残基に変化した配列を有する、コリネバクテリウム属細菌由来でありL-リジン及びL-スレオニンによる相乗的なフィードバック阻害が実質的に解除されるアスパルトキナーゼ α サブユニット蛋白質及び該蛋白質をコードするDNA断片である。また本願発明は、配列表の配列番号6記載のアミノ酸配列あるいは配列番号6記載アミノ酸配列の30番目のThr残基がAla以外かつ酸性アミノ酸以外のアミノ酸残基に変化した配列を有する、コリネバクテリウム属細菌由来でありL-リジン及びL-スレオニンによる相乗的なフィードバック阻害が実質的に解除され

るアスパルトキナーゼ β サブユニット蛋白質及び該蛋白質をコードするDNA断片である。さらに本願発明は、上記DNA断片を含有し、コリネバクテリウム属の微生物中で複製可能な組み換えDNA、及び該組み換えDNAが、コリネバクテリウム属の微生物に導入されて得られるアスパルトキナーゼ比活性が親株の2-20倍に上昇し、かつアスパルトキナーゼ活性のL-リジン及びL-スレオニンによる相乗的なフィードバック阻害あるいはL-リジン単独によるフィードバック阻害が実質的に解除された形質転換体である。本願発明は、上記形質転換体を好適な培地にて培養し、生じたL-リジンを分離することを特徴とするL-リジンの製造法である。

【0007】本発明にいうコリネバクテリウム属の微生物とは、バーギーズ・マニュアル・オブ・デターミネティフ・バクテリオロジー（Bergey's Manual of Determinative Bacteriology）第8版599頁（1974）に定義されている一群の微生物であり、好気性、グラム陽性、非抗酸性、孢子形成能を有しない桿菌である。また本発明にいうコリネバクテリウム属の微生物とは、従来プレバクテリウム属に分類されていたが現在コリネバクテリウム属細菌として統合されたプレバクテリウム属細菌を含み、またコリネバクテリウム属細菌と非常に近縁なプレバクテリウム属細菌を含む。このようなコリネバクテリウム属（プレバクテリウム属）の微生物のうち特に以下に述べるようなコリネバクテリウム属（プレバクテリウム属）のグルタミン酸生産性細菌が本発明においては、最も好ましいものである。さらに、ミクロバクテリウム属細菌の中にもグルタミン酸を蓄積するものが知られており、これらも本願発明において使用可能である。

【0008】コリネバクテリウム属（プレバクテリウム属）のグルタミン酸生産性細菌の野性株の例としては次のようなものがあげられる。

コリネバクテリウム・アセトアシドフィルム	ATCC 13870
コリネバクテリウム・アセトグルタミクム	ATCC 15806
コリネバクテリウム・カルナエ	ATCC 15991
コリネバクテリウム・グルタミクム	ATCC 13032,
	13060
(プレバクテリウム・ディバリカタム)	ATCC 14020
(プレバクテリウム・ラクトフェルメンタム)	ATCC 13869
コリネバクテリウム・リリウム	ATCC 15990
コリネバクテリウム・メラセコーラ	ATCC 17965
プレバクテリウム・サッカロリディクム	ATCC 14066
プレバクテリウム・インマリオフィウム	ATCC 14068
プレバクテリウム・ロゼウム	ATCC 13825
プレバクテリウム・フラバム	ATCC 13826
プレバクテリウム・チオゲニタリス	ATCC 19240
ミクロバクテリウム・アンモニアフィラム	ATCC 15354

【0009】本発明のコリネバクテリウム属（プレバクテリウム属）のグルタミン酸生産性細菌には上記のよ

うなグルタミン酸生産性を有する野性株のほかにグルタミン酸生産性を有するまたはグルタミン酸生産性を失った変異株も含まれる。

【0010】AK遺伝子を含むDNA断片の供与菌として野生株を用いた場合、野生型のAK遺伝子を含むDNA断片が取得できる。また、L-リジン及びL-スレオニンによる相乗的なフィードバック阻害が実質的に解除されたAK遺伝子を含むDNA断片を取得するには、AK活性に対するL-リジン及びL-スレオニンによる相乗的なフィードバック阻害が実質的に解除された変異株を用いることによって取得することができる。該変異株は、例えば、通常の変異処理法、紫外線照射またはN-メチル-N'-ニトロ-N-ニトロソグアニジン (NTG) 等の変異剤処理を施した細胞群の中から取得することができる。AK活性の測定は、Miyajima, R et al.; The Journal of Biochemistry (1968) 63 (2), 139-148に記載される方法を用いることができる。

【0011】AK遺伝子を含むDNA断片の供与菌としては、コリネバクテリウム・グルタミカム (プレバクテリウム・ラクトファーマンタム) 野生株ATCC13869及びATCC13869株より変異処理により誘導されたL-リジン生産菌AJ3463 (FERMP-1987) が最も好ましい供与菌である。これらの菌の染色体DNAより野生型AK遺伝子、及びL-リジン及びL-スレオニンによる相乗的なフィードバック阻害が実質的に解除されたアスパルトキナーゼをコードする遺伝子 (以下変異型AK遺伝子と記

(1) pAM 330	特開昭58-67699参照
(2) pHM 1519	特開昭58-77895参照
(3) pAJ 655	特開昭58-192900参照
(4) pAJ 611	同上
(5) pAJ 1844	同上
(6) pCG 1	特開昭57-134500参照
(7) pCG 2	特開昭58-35197参照
(8) pCG 4	特開昭57-183799参照
(9) pCG 11	同上

【0015】ベクターの開裂は、当該DNAを一箇所て切断する制限酵素を用いて切断するか、複数部位を切断する制限酵素を用いて部分的に切断することにより行う。

【0016】ベクターは、染色体遺伝子を切断した際に用いられた制限酵素により切断され、または染色体DNA切断フラグメント及び切断されたベクターのそれぞれの両端に相補的な塩基配列を有するオリゴヌクレオチドを接続せしめて、ついでベクターと染色体DNAフラグメントとのライゲーション反応に付される。

【0017】このようにして得られた、染色体DNAとベクターとが連結された組み換えDNAをコリネバクテリウム属細菌に属する受容菌へ導入するには、エシェリヒア・コリK-12について報告されている様な (Mandel, M. and Higa, A., J. Mol. Biol., 53, 159 (1970) 受容菌細

す) を分離し、コリネバクテリウム属 (プレバクテリウム属) 細菌中で自律増殖可能なベクターに連結し、コリネバクテリウム属 (プレバクテリウム属) 細菌細胞に導入する。

【0012】AK遺伝子を単離する方法は、コリネバクテリウム属細菌のAK遺伝子を有している株より、まず染色体遺伝子を抽出し (例えば H. Saito and K. Miura Biochem. Biophys. Acta 72, 619, (1963) の方法が使用できる。)、これを適当な制限酵素で切断する。ついで、コリネバクテリウム属細菌細胞内で増殖し得るベクターに接続し、得られた組み換えベクターを用いてコリネバクテリウム属の微生物のAK欠損変異株を形質転換せしめ、AK生成活性を保有するにいたった菌株を単離し、これよりAK遺伝子を分離できる。AK欠損変異株の誘導方法は、上記AK活性に対するL-リジン及びL-スレオニンによる相乗的なフィードバック阻害が実質的に解除された変異株の誘導方法と同様に行うことができる。

【0013】染色体遺伝子を切断するために、切断反応時間等を調節して切断の程度を調節すれば、幅広い種類の制限酵素が使用できる。

【0014】本発明にて使用されうるベクターは、コリネバクテリウム属細菌細胞内において増殖し得るものであればどのようなものでも良い。具体的に例示すれば、以下のものがあげられる。

胞を塩化カルシウムで処理してDNAの透過性を増す方法、またはパチルス・ズプチリスについて報告されている様に (Duncan, C. H., Wilson, G. A. and Young, F. E., Gene, 1, 153 (1977)) 細胞がDNAを取り込み得る様に増殖段階 (いわゆるコンピテントセル) に導入する方法により可能である。あるいは、パチルス・ズプチリス、放線菌類および酵母について知られている様に (Chang, S. and Choen, S. N., Molec. Gen., Genet., 168, 111 (1979); Bibb, M. J., Ward, J. M. and Hopwood, O. A., Nature, 274, 398 (1978); Hinnen, A., Hicks, J. B. and Fink, G. R., Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 75, 1929 (1978))、DNA受容菌を、組み換えDNAを容易に取り込むプロトプラストまたはスフェロプラストにして組み換えDNAをDNA受容菌に導入することも可能である。

【0018】プロトプラスト法では上記のパチルス・ズ

ブチリスにおいて使用されている方法でも充分高い頻度を得ることができるし、特開昭57-183799に記載されたコリネバクテリウム属のプロトプラストにポリエチレングリコールまたはポリビニルアルコールと二価金属イオンとの存在下にDNAをとり込ませる方法も当然利用できる。ポリエチレングリコールまたはポリビニルアルコールの代りに、カルボキシメチルセルロース、デキストラン、フィコール、プルロニックF68（セルバ社）などの添加によってDNAのとり込みを促進させる方法でも同等の結果が得られる。

【0019】あるいはAK遺伝子の取得は、上記のようにして取得された染色体DNAよりPCR (polymerase chain reaction; White, T. J. et al.; Trends Genet. 5, 185(1989)参照) によりAK遺伝子を増幅することによっても行える。増幅に用いるDNAプライマーはAK遺伝子の全領域あるいは一部領域を含有するDNA二重鎖の両3'末端に相補するものを用いる。AK遺伝子の一部領域だけを増幅した場合には、該DNA断片をプライマーとして全領域を含むDNA断片を遺伝子ライブラリーよりスクリーニングする必要がある。全領域を増幅した場合には、該DNA断片をアガロースゲル電気泳動に供した後、目的のバンドを切り出すことによってAK遺伝子を含有するDNA断片を回収できる。

【0020】DNAプライマーとしては、例えば、コリネバクテリウム・グルタミカム (Corynebacterium glutamicum) において既知となっている配列 (Molecular Microbiology(1991)5(5), 1197-1204, Mol. Gen. Genet. (1990)224, 317-324参照) を基にして、AK遺伝子をコードする約1643bpの領域を増幅すべく、5'-TCGCGAAGTAGCACC TGTCACCTT-3' と5'-ACGGAATTCAATCTTACGGCC-3' という配列の23mer及び21merの一本鎖DNAが最適である。DNAの合成はApplied Biosystems社製DNA合成機model 380Bを使用し、ホスホアミダイト法を用いて (Tetrahedron Letters(1981), 22, 1859参照) 常法に従って合成できる。PCR反応は、宝酒造 (株) 製DNAサーマルサイクラー PJ2000型を用い、TaqDNAポリメラーゼを用い、供給者により指定された方法に従って行うことができる。

【0021】増幅されたAK遺伝子は、上記したようなコリネバクテリウム属細菌細胞内において増殖し得るベクターに接続され、上記したような方法でコリネバクテリウム属細菌細胞に導入される。

【0022】リジンを生産するために、取得されたAK遺伝子が導入され増幅される宿主としては、上記したコリネバクテリウム属グルタミン酸生産性細菌の野生株があげられるが、これ以外にも、ここで構築した組み換えDNAの複製起点と変異型AK遺伝子が機能し、組み換えDNAが複製可能でかつ変異型AK活性の増強が可能な菌なら、全て宿主として利用できる。最も好ましい宿主は、コリネバクテリウム・グルタミカム (プレビバクテリウム・ラクトファーメンタム) 野生型株であるAJ12

036株 (FERM-P7559) である。

【0023】以上の方法で取得した、L-リジン及びL-スレオニンによる相乗的なフィードバック阻害が実質的に解除されたアスパルトキナーゼをコードする遺伝子を含有する組み換えDNAを保有する形質転換体を培養し、培養液に目的のL-リジンを生成蓄積せしめ、これを採取した。

【0024】使用するL-リジン生産用の培地は、炭素源、窒素源、無機イオン及び必要に応じその他の有機成分を含有する通常の培地である。

【0025】炭素源としては、グルコース、ラクトース、ガラクトース、フラクトースやでんぶんの加水分解物などの糖類、グリセロールやソルビトールなどのアルコール類、フマル酸、クエン酸、コハク酸等の有機酸類を用いることができる。

【0026】窒素源としては、硫酸アンモニウム、塩化アンモニウム、リン酸アンモニウム等の無機アンモニウム塩、大豆加水分解物などの有機窒素、アンモニアガス、アンモニア水等を用いることができる。

【0027】有機微量栄養源としては、ビタミンB1、L-ホモセリンなどの要求物質または酵母エキス等を適量含有させることが望ましい。これらの他に、必要に応じて、リン酸カリウム、硫酸マグネシウム、鉄イオン、マンガンイオン等が少量添加される。

【0028】培養は好気的条件下で16~72時間実施するのがよく、培養温度は30℃~45℃に、培養中pHは5~7に制御する。尚、pH調整には無機あるいは有機の酸性あるいはアルカリ性物質、更にアンモニアガス等を使用することができる。発酵液からの芳香族アミノ酸の採取は通常イオン交換樹脂法、沈澱法その他の公知の方法を組み合わせることにより実施できる。

【0029】

【実施例】以下、実施例に基づき、発明の内容を詳細に説明する。

【0030】(実施例1 野生型及び変異型AK遺伝子の取得とコリネバクテリウム用プラスミドの作製) コリネバクテリウム・グルタミカム (プレビバクテリウム・ラクトファーメンタム) 野生株ATCC13869株、及びそれより変異処理により得られたL-リジン生産性変異株AJ3463 (FERMP-1987) より常法に従い、染色体DNAを調製した。染色体DNAよりPCR (polymerase chain reaction; White, T. J. et al.; Trends Genet. 5, 185(1989)参照) によりAK遺伝子を増幅した。増幅に用いたDNAプライマーはコリネバクテリウム・グルタミカムにおいて既知となっている配列 (Molecular Microbiology(1991)5(5), 1197-1204, Mol. Gen. Genet. (1990)224, 317-324参照) を基にしてAK遺伝子をコードする約1643bpの領域を増幅すべく、5'-TCGCGAAGTAGCACTGTCACCTT-3' (配列番号15) と5'-ACGGAATTCAATCTTACGGCC-3' (配列番号16) という配列の23mer及び21merの一本鎖DNAを合

成した。DNAの合成はApplied Biosystems社製DNA合成機 model 380Bを使用し、ホスホアミダイド法を用いて(Tetrahedron Letters(1981), 22, 1859参照) 常法に従って合成した。PCR反応は、宝酒造(株)製DNAサーマルサイクラー PJ2000型を用い、TaqDNAポリメラーゼを用い、供給者により指定された方法に従って遺伝子増幅を行なった。増幅した1643kbの遺伝子断片をアガロースゲル電気泳動により確認した後、ゲルより切り出した該断片を常法により精製し、制限酵素NruI(宝酒造(株)製)及びEcoRI(宝酒造(株)製)にて切断した。遺伝子断片のクローン化用ベクターにはpHSG399(Takeshita, S *et al*; Gene(1987), 61, 63-74参照)を用いた。pHSG399を制限酵素SmaI(宝酒造(株)製)及び制限酵素EcoRIにて切断し、増幅したAK遺伝子断片と接続した。DNAの接続はDNAライゲーションキット(宝酒造(株)製)を用い、指定された方法にて行なった。この様にしてpHSG399にプレバクテリウム染色体より増幅されたAK遺伝子断片の接続されたプラスミドを作製した。野生株であるATCC13869由来のAK遺伝子を有するプラスミドをp399AKY、*L*-リジン生産菌であるAJ3463由来のAK遺伝子を有するプラスミドをp399AK9と命名した。

【0031】p399AKY、p399AK9に、それぞれコリネバクテリウム属細菌中でプラスミドを自律増殖可能にする能力をもつDNA断片(以下Coryne. -oriと記す)を導入し、コリネバクテリウム属細菌中で自律複製可能なAK遺伝子を搭載したプラスミドを作製した。Coryne. -oriを取得するために、エシェリヒア・コリと、コリネバクテリウム属細菌の双方の菌体中で自律増殖可能なプラスミドベクターpHK4を作成した。エシェリヒア・コリとコリネバクテリウム属細菌中の双方で自律増殖可能なプラスミドベクターは、いくつか報告がある。ここでは、pAJ1844(特開昭58-216199参照)と、pHSG298(S. Takeshita *et al*; Gene 61, 63-74(1987)参照)から、新規のシャトルベクターpHK4を構築した。pAJ1844を制限酵素Sau3AIで部分切断し、制限酵素BamHIで完全切断したpHSG298と連結した。連結後のDNAをコリネバクテリウム・グルタミカム(プレバクテリウム・ラクトファーメンタム) AJ12036(FERM-P7559)に形質転換した。形質転換の方法は、電気パルス法(特開平2-207791参照)を用いた。形質転換体の選択は、カナマイシン25 μ g/mlを含むM-CM2Gプレート(グルコース5g、ポリペプトン10g、酵母エキス10g、NaCl5g、DL-メチオニン0.2g、寒天15gを純水1lに含む。pH7.2)にて行った。形質転換体からプラスミドを調製し、大きさの最も小さいものを選択し、pHK4と命名した。このプラスミドは、エシェリヒア・コリと、コリネバクテリウム属細菌中で自律増殖でき、宿主にカナマイシン耐性を付与する。

【0032】pHK4を制限酵素KpnI(宝酒造(株)製)にて切断し、切断面を平滑末端化する。平滑末端化はDNA

Blunting kit(宝酒造(株)製)を用い、指定された方法にて行なった。平滑末端化後、リン酸化済みBamHIリンカー(宝酒造(株)製)を接続し、pHK4よりCoryne. -ori部分のDNA断片をBamHIのみによる切断によって切り出される様改変した。このプラスミドをBamHIにより切断し、生じたCoryne. -ori DNA断片を同じくBamHIにて切断したp399AKY、p399AK9に接続し、コリネバクテリウム属細菌中で自律増殖可能でかつAK遺伝子を含むプラスミドを作製した。p399AKY由来の野生型AK遺伝子を含むプラスミドをp399AKYBと命名し、p399AK9由来の変異型AK遺伝子を含むプラスミドをp399AK9Bと命名した。p399AK9B、p399AKYB構築の過程を図1に示す。コリネバクテリウム・グルタミカム(プレバクテリウム・ラクトファーメンタム)野生型株であるAJ12036株(FERM-P7559)に変異型AKプラスミドp399AK9Bを導入した株AJ12691は、受託番号(FERM-P12918)が付与され通産省工業技術院生命工学工業技術研究所に寄託されている。

【0033】(実施例2 コリネバクテリウム・グルタミカムの野生型AK及び変異型AK遺伝子の塩基配列の決定)野生型AK遺伝子を含むプラスミドp399AKY及び変異型AK遺伝子を含むプラスミドp399AK9を調製し、野生型及び変異型AK遺伝子の塩基配列の決定を行なった。塩基配列の決定はサンガーらの方法(F. Sanger *et al*; Proc. Natl. Acad. Sci. 74, 5463(1977)などがある)によった。p399AKYにコードされている野生型AK遺伝子の塩基配列を配列表の配列番号1に、p399AK9にコードされている変異型AK遺伝子の塩基配列を配列表の配列番号2に記す。変異型AK遺伝子は野生型AKと比べ、1051番目のGがAに変化しているという1塩基の変異のみを有する。AK遺伝子は、同一のDNA鎖に α 、 β の2本のサブユニットが同一のリーディングフレームでコードされていることが知られているが(Kalinowski, J. *et al*; Molecular Microbiology(1991)5(5), 1197-1204参照)、相同性から判断して本遺伝子は同一のDNA鎖に α 、 β の2本のサブユニットが同一のリーディングフレームでコードされていると考えられる。

【0034】DNA塩基配列より推定される野生型AK蛋白質の α サブユニットのアミノ酸配列を配列表の配列番号3に、 β サブユニットのアミノ酸配列を配列表の配列番号5に示す。DNA配列とアミノ酸配列を同時に示したものは、 α サブユニットは配列表の配列番号7に、 β サブユニットは配列表の配列番号9に示す。 α β 各サブユニットのオープンリーディングフレーム部の塩基配列を配列表の配列番号11、13に示す。

【0035】同様にDNA塩基配列より推定される変異型AK蛋白質の α サブユニットのアミノ酸配列を配列表の配列番号4に、 β サブユニットのアミノ酸配列を配列表の配列番号6に示す。DNA配列とアミノ酸配列を同時に示したものは、 α サブユニットは配列表の配列番号8に、 β サブユニットは配列表の配列番号10に示す。

α β 各サブユニットのオープンリーディングフレーム部の塩基配列を配列表の配列番号12、14に示す。

【0036】尚、各サブユニットとも、開始コドンにGTGが用いられており、対応するアミノ酸をメチオニンと表記しているが、これは、メチオニン、バリン、またはフォルミルメチオニンを表すものである。変異型AK遺伝子の変異点は、変異型AK蛋白質がアミノ酸配列において、 α サブユニットにおいて279番目のアラニンがスレオニンに、 β サブユニットにおいて30番目のアラニンがスレオニンにというアミノ酸置換を起こしていることを意味する。

【0037】(実施例3 コリネバクテリウム・グルタミカム野生株における変異型AKと野生型AKプラスミドの導入によるL-リジン生産能への効果) コリネバクテリウム・グルタミカム(プレバクテリウム・ラクトファーメンタム)野生型株であるAJ12036株(FERM-P7559)に野生型AKプラスミドp399AKYB及び変異型AKプラスミドp399AK9Bを各々導入した株を作製した。コリネバクテリウムへの遺伝子導入は、電気パルス法によった。宿主のコリネバクテリウム・グルタミカム(プレバ

クテリウム・ラクトファーメンタム)AJ12036株、野生型AKプラスミドを保持するAJ12690株および、変異型AKプラスミドを保持するAJ12691(FERM-P12918)株のアスパルトキナーゼ活性を測定した。活性測定は、常法に従った(Miyajima, R et al; The Journal of Biochemistry(1968)63(2), 139-148参照)。表1に示す様にAKプラスミド導入によりAKの比活性が約10~15倍に増大していること、及び変異型AKプラスミド導入株についてのみ、L-リジン及びL-スレオニンによる相乗阻害が解除していることを確認した。表1は、コリネバクテリウム・グルタミカム(プレバクテリウム・ラクトファーメンタム)野生型株AJ12036株、及びそれに野生型AKプラスミドを保持させたAJ12690株、変異型AKプラスミドを保持させたAJ12691株の菌体破砕液のアスパルトキナーゼ比活性、及びそのL-リジン及びL-スレオニンによる相乗阻害の程度を表わしたものである。阻害剤のL-リジン、及びL-スレオニンは各々最終濃度1mMとなるよう添加した。

【0038】

【表1】

菌株	AK比活性 (mU/mg protein)	
	無添加	+1mM L-Lys, +1mM L-thr
AJ12036	19.0	2.6
AJ12690	235.3	34.5
AJ12691	210.5	145.3

【0039】野生株AJ12036、野生型AKプラスミド保持株AJ12690、変異型AKプラスミド保持株AJ12691(FERM-P12918)のリジン生産能を培養評価した。培養評価はリジン生産培地(グルコース100g, $(\text{NH}_4)_2\text{SO}_4$ 55g, KH_2PO_4 1g, $\text{MgSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 1g, 大豆蛋白加水分解物「豆濃」50ml, $\text{FeSO}_4 \cdot 7\text{H}_2\text{O}$ 10mg, $\text{MnSO}_4 \cdot 4\text{H}_2\text{O}$ 10mg, ニコチン酸アミド5mg, 及び CaCO_3 50gを純水1lに含む。pH8.0)に植菌し、31.5℃にて72時間往復振とう培養しておこなった。培養後の培養液中のリジン生成量は表2に示す通りである。変異型AKプラスミド導入株により、L-リジン生産能が著しく向上していることがわかる。また、培養終了時のブ

ラスミド保持率をプラスミドの薬剤耐性マーカーであるクロラムフェニコールの耐性を指標にして測定したが、ほぼ100%と極めて高いプラスミドの安定性を示した(表2)。表2は、コリネバクテリウム・グルタミカム(プレバクテリウム・ラクトファーメンタム)野生型株AJ12036株、及びそれに野生型AKプラスミドを保持させたAJ12690株、変異型AKプラスミドを保持させたAJ12691株のL-リジンの発酵生産能、及び培養終了時のプラスミド保持率を測定した結果である。

【0040】

【表2】

菌株	Lys蓄積量 (g/l)	プラスミド保持率 (%)
AJ12036	0	-
AJ12690	2	100
AJ12691	25	98

- はデータ無し

【0041】(実施例4 コリネバクテリウム・グルタミカムの野生型AK及び変異型AKの酵素解析) AKの酵素活性を測定、評価するにあたり、宿主としてエシェリヒア・コリのAK完全欠損株 Gif106M1 を用いた (Bo y, E and Patte, J.C., J. Bacteriol. 112, 84-92 (1972), Theze, J. et al., J. Bacteriol. 117, 133-143 (1974))。コリネバクテリウム属細菌にはAK欠損株が無いために、宿主のAKとプラスミド由来のAKが混在してしまい、正確に測定できないと考えられたためである。多くのコリネバクテリウム属細菌の遺伝子はエシェリヒア・コリ中で発現することが知られており、またこのAK遺伝子は pHSG399 上の lac プロモーター下流に連結されているため、エシェリヒア・コリ中で発現可能であると予想された。

【0042】まず Gif106M1 を実施例1で作製した p39 9AKY、p399AK9 で形質転換し、以下に示す最少培地 M9 での生育を相補することを確認した。これによりコリネバクテリウム属細菌のAKがエシェリヒア・コリ菌体中で発現、機能することを確認した。

最少培地 M9

A 20×M9 (g/L)

Na₂HPO₄12H₂O 303

KH₂PO₄ 60

NaCl 10

NH₄Cl 20

B 1M MgSO₄

C 50% Glucose

D 1g/L Thiamine

別々に滅菌し、A : B : C : D : 水 = 5 : 0.1 : 1 : 0.1 : 95 の割合で混合する。

【0043】続いてこの菌体より無細胞抽出液を調製

し、AKの酵素活性を測定した。

【0044】AKの酵素活性を測定する際、酵素反応液中に種々の濃度のリジンやスレオニンを加え、阻害の度合いを調べた (図2)。その結果、変異型AKは、リジン単独の阻害は野生型に比べほとんど改善がみられないが、スレオニンによる阻害は、100% 解除され、さらに若干活性化すること、このスレオニンによる阻害解除の結果、リジン+スレオニンの協奏阻害が緩和されていることがわかった (Ki値 0.4mM → 5.0mM)。

【0045】(実施例5 コリネバクテリウム・グルタミカムの阻害解除型AK遺伝子の作製) 実施例4より変異型AKはリジンによる単独阻害の解除が不十分であることが判明したため、変異を導入しこの性質の改良を行うことにした。

【0046】阻害解除型AK遺伝子の作製方法としては、部位特異的変異を用い、実施例2で示した変異点 (279Ala→Thr) を他のアミノ酸に置換することにした。目的部位に目的の変異を起こす部位特異的変異法としてはPCRを用いる方法 (Higuchi, R., 61, in PCR technology (Erlich, H. A. Eds., Stockton press (1989))), フェージを用いる方法 (Kramer, W. and Frits, H. J. Meth. in Enzymol., 154, 350 (1987); Kunkel, T. A. et al., Meth. in Enzymol., 154, 367 (1987)) などがある。

【0047】変異によって導入するアミノ酸の種類としては、20種類のアミノ酸を極性や分子構造などの各々の性質により分類し、代表的なもの8種 (Arg, Asp, Cys, Phe, Pro, Ser, Tyr, Val) を選んだ。各々の変異点のアミノ酸変異、及び塩基置換を表3に示す。

【0048】

【表3】

特許変異型表

変異名	変異点及びアミノ酸変化						プラスミド名(^{Coryne-} _{ori} 導入名)
野生型							p399AKY (p399AKYB)
Thr	279	Ala	GCT	→	Thr	A*CT	p399AK9 (p399AK9B)
Arg	279	Ala	GCT	→	Arg	C*G*T	p399AKAR (p399AKARB)
Asp	279	Ala	GCT	→	Asp	GA*T	p399AKAD
Cys	279	Ala	GCT	→	Cys	T*G*T	p399AKAC (p399AKACB)
Phe	279	Ala	GCT	→	Phe	T*T*T	p399AKAF (p399AKAFB)
Pro	279	Ala	GCT	→	Pro	C*CT	p399AKAP (p399AKAPB)
Ser	279	Ala	GCT	→	Ser	T*CT	p399AKAS (p399AKASB)
Tyr	279	Ala	GCT	→	Tyr	T*A*T	p399AKAY (p399AKAYB)
Val	279	Ala	GCT	→	Val	GT*T	p399AKAV (p399AKAVB)

【0049】変異の導入方法としては、変異が導入される279番目のAla残基のコードンを目的のアミノ酸残基のコードンに置換した23merの合成DNA 8種を考案し(Arg 導入用合成DNAは5'-GCCAGGCGAG CGT GCCAAGGTTT-3' : 配列番号17、Asp 導入用合成DNAは5'-GCCAGGCGAG GAT GCCAAGGTTT-3' : 配列番号18、Cys 導入用合成DNAは5'-GCCAGGCGAG TGT GCCAAGGTTT-3' : 配列番号19、Phe 導入用合成DNAは5'-GCCAGGCGAG TTT GCCAAGGTTT-3' : 配列番号20、Pro 導入用合成DNAは5'-GCCAGGCGAG CCT GCCAAGGTTT-3' : 配列番号21、Ser 導入用合成DNAは5'-GCCAGGCGAG TCT GCCAAGGTTT-3' : 配列番号22、Tyr 導入用合成DNAは5'-GCCAGGCGAG TAT GCCAAGGTTT-3' : 配列番号23、Val 導入用合成DNAは5'-GCCAGGCGAG GTT GCCAAGGTTT-3' : 配列番号24である)、その相補配列と併せて16種類の23mer 一本鎖DNAを合成した。たとえばArg残基を導入する場合、5'-GCCAGGCGAG CGT GCCAAGGTTT-3'なる配列を有する一本鎖DNA、その相補鎖一本鎖DNA、配列

番号15の配列を有する一本鎖DNA、及び配列番号16の配列を有する一本鎖DNAをプライマーとし、p399AKYを鋳型にしてPCR法を行った。非特異的変異の導入を除くため、作製されたDNAから変異点を含む約280塩基対を制限酵素(NaeI-AvaII)を用いて切り出し、p399AKYの該当部位と置換した。置換した領域については塩基配列の確認を行った。

【0050】(実施例6 変異型AK遺伝子8種の酵素解析) 実施例4と同様の方法により、Gif106M1を実施例5で得られた各変異型AK遺伝子を含むプラスミド8種で形質転換し、無細胞抽出液を調製し、酵素解析を行った。表4にリジン 5mM、スレオニン 5mM、リジン 5mM +スレオニン 5mM 添加時の阻害解除度、比活性を示す。図3、図4、図5にリジン、スレオニン各濃度添加時の阻害解除度をグラフで示す。

【0051】

【表4】

	比活性(mU/mg protein)	5mM Lys(%)	5mM Thr(%)	5mM Lys+Thr(%)
野生型	15.3	42.3	62.3	9.2
Thr	12.9	47.0	103.5	50.4
Pro	2.8	76.9	126.9	103.8
Cys	15.4	56.3	108.1	17.0
Ser	8.2	52.6	131.6	18.4
Val	21.8	51.1	98.3	52.3
Arg	7.6	40.6	107.2	47.8
Tyr	14.4	14.4	103.6	19.4
Phe	18.7	12.1	103.0	18.2
Asp	1.5			

【0052】Asp のような疎性アミノ酸に変化させた場合はAKは失活したが、その他のいずれのアミノ酸に変化させた場合もスレオニンによる阻害は解除された。それ以外の性質についてはほぼ4つのグループに分けら

れ、実施例2の変異型(Thr)に類似した変異としてはVal 残基導入変異株、Arg 残基導入変異株がある。Cys 残基導入変異株、Ser 残基導入変異株はリジン単独の阻害は野生型と同等であるが、協奏阻害になると阻害が強

化される結果となった。これはスレオニンに対する挙動が、低濃度では活性化されるが、高濃度になると阻害を受ける山型のグラフとなる特徴的な性質であるために協奏阻害が強化したと考えられる。芳香族アミノ酸である Phe 残基導入変異株、Tyr 残基導入変異株のリジン単独の阻害は野生型よりも強化された。Pro は立体構造に与える影響が大きいためか Pro 残基導入変異株は比活性が低い（野生型の約 1/5）、リジンの単独阻害は緩和しており、スレオニンによる活性化の度合いも大きくなっている（120% 以上）。そのため協奏阻害も解除された。

【0053】変異導入によってできた酵素の構造の安定性の指標として、熱安定性の検討を行なった。処理条件は野生型 AK の活性が約 80% になる 55℃ 1.5 時間に設定した。Cys 残基導入変異株、Thr 残基導入変異株、Phe 残基導入変異株、Tyr 残基導入変異株、Val 残基導入変異株は野生型よりも安定性が高く、中でも最も安定

性の高いものは Val 残基導入変異株であった（図 6）。

【0054】（実施例 7 コリネバクテリウム・グルタミカム野生株における変異型 AK 遺伝子 8 種と野生型 AK 遺伝子含有プラスミドの導入による L-リジン生産能への効果）実施例 3 と同様にコリネバクテリウム・グルタミカム（プレビバクテリウム・ラクトファーメンタム）野生株である AJ12036 株（FERM-P7559）に表 3 に示す 8 種のプラスミドを導入した株を作製し、それぞれの株について AK 活性を測定した。表 5 に示すように比活性は宿主の約 20～80 倍に増大した。リジン、スレオニンによる阻害解除度は実施例 6 と同様であり、もっとも阻害解除度の高いものは Pro であり、リジン単独、スレオニン単独、両方による協奏阻害いずれにおいても Thr の変異型を上回った。

【0055】

【表 5】

特許930210BOAK

	比活性(mU/mg protein)	5mM Lys(%)	5mM Thr(%)	2mM Lys+Thr(%)
AJ12036	5.6	52.0	87.0	7.0
野生型	316.4	52.7	86.8	6.2
Thr	374.4	58.7	109.1	78.3
Arg	197.4	41.4	106.8	58.6
Cys	287.0	66.5	135.7	60.6
Phe	447.7	14.6	105.0	32.4
Pro	125.0	77.5	123.2	85.2
Ser	406.8	55.0	114.4	37.0
Tyr	425.6	18.1	104.8	32.2
Val	448.9	60.5	103.5	75.5

【0056】さらにこれらの 9 種の株について実施例 3 と同様の方法でリジン生産能を培養評価した。培養度の培養液中のリジン生成量は表 6 に示す通りである。変異型 AK プラスミド導入により L-リジン生産能が著しく向上していることがわかる。特に Cys 残基導入変異株、Ser 残基導入変異株以外の変異では約 25g/l の高い蓄積を示した。また培養終了時のプラスミド保持率もほぼ 100% と高いプラスミドの安定性を示した。

【0057】

【表 6】

特許培養

	Lys-HCl(g/l)	プラスミド保持率(%)
野生型	0.00	100
Thr	24.25	100
Arg	24.56	100
Cys	13.41	100
Phe	25.14	100
Pro	25.11	100
Ser	5.72	100
Tyr	25.12	100
Val	25.02	100

【0058】

【発明の効果】プレビバクテリウム・ラクトファーメンタムの AK 遺伝子であって、配列番号 3 のアミノ酸番号にして 279 位または配列番号 5 のアミノ酸番号にして 30 位の Ala を酸性アミノ酸以外のアミノ酸に変化さ

せることにより、スレオニンによる阻害が完全に解除し、その結果リジン+スレオニンによる協奏阻害の解除されたAKを取得した。特に Pro に変化させることにより、リジンによる単独阻害が部分的に解除したAKを取得した。同部位を Val、Tyr、Phe に変化させることにより、熱安定性が向上したAKを取得した。コリネ型細菌細胞中でこれら変異型AKの活性を増大させることにより、L-リジンの生産性を著しく上昇させることができた。

【0059】

【配列表】

配列

```
TCGCGAAGTA GCACCTGTCA CTTTGTCTC AAATATTAAA TCGAATATCA ATATACGGTC 60
TGTTTATTGG AAGCATCCC AGTGCTGAG ACGCATCCGC TAAAGCCCA GGAACCTGT 120
GCAGAAAGAA AACACTCCTC TGGCTAGGTA GACACAGTTT ATAAAGGTAG AGTTGAGCCG 180
GTAACGTGCA GCACGTAGAT CGAAAGGTGC ACAAAGGTGG CCTGGTGGT ACAGAAATAT 240
GGCGGTTTCT CGCTTGAGAG TCGGAACGC ATTAGAAACG TCGCTGAACG GATCGTTGCC 300
ACCAAGAAGG CTGGAATGA TGCTGTGTT GTCTGCTCCG CAATGGGAGA CACCACGGAT 360
GAACCTCTAG AACTTGCAGC GGCAGTGAAT CCGTTCCGC CAGCTCGTGA AATGGATATG 420
CTCCTGACTG CTGGTGAGCG TATTTCTAAC GCTCTGCTCG CCATGGCTAT TGAGTCCCTT 480
GGCGCAGAAG CTCATCTTT CACTGGCTCT CAGGCTGGTG TGCTCACCAC CGAGCCGCAC 540
GGAAACGCAC GCATTGTGA CGTCACACCG GGTGCTGTC GTGAAGCACT CGATGAGGGC 600
AAGATCTGCA TTGTGTGTTG TTTTCAGGCT GTTAATAAAG AAACCCGCGA TGTCACCAAG 660
TTGGGTCTG GTGGTTCTGA CACCACTGCA GTTGGCTTGG CAGCTGCTTT GAACGCTGAT 720
GTGTGTGAGA TTTACTCGA CGTTGACGCT GTGTATACCG CTGACCCGCG CATCGTTCCCT 780
AATGCACAGA AGCTGGAAAA GCTCAGCTTC GAAGAAATGC TGAACCTTGC TGCTGTGGGC 840
TCCAAGATT TGGTCTGCG CAGTGTGAA TACGCTCGTG CATTCAATGT GCCACTTCCG 900
GTAOGCTCGT CTTATAGTAA TGATCCCGGC ACTTTGATTG CCGGCTCTAT GGAGATATT 960
CCTGTGGAAG AAGCAGTCTT TACCGGTGTC GCAACCGACA AGTCCGAAGC CAAAGTAACC 1020
GTTCTGGGTA TTTCGATAA GCCAGCCGAG GCTGCCAAGG TTTTCCGTGC GTTGGCTGAT 1080
GCAGAAATCA ACATTGACAT GGTCTGCGA AAGTCTCCT CTGTGAAGA CGGCACCACC 1140
GACATCACGT TCACTGCCC TCGGCTGAC GGAAGCCGTG CGATGGAGAT CTTGAAGAAG 1200
CTTCAGGTT AGGCAACTG GACCAATGT CTTTACGAGC ACCAGGTGG CAAAGTCTCC 1260
CTCGTGGTG CTGCATGAA GTCTACCCA GGTGTACCG CAGAGTTTCA GGAAGCTCTG 1320
CGCGATGTC ACGTGAACAT CGAATTGATT TCACCTCTG AGATCCGCAT TTCCGTGCTG 1380
ATCCGTGAAG ATGATCTGGA TGCTGCTGCA CGTGCAITGC ATGAGCAGTT CCAGTGGGC 1440
GGCGAAGACG AAGCGTGGT TTATGACGGC ACCGACGCT AAAGTTTTAA AGGAGTAGTT 1500
TTACAATGAC CACCATCGCA GTTGTGGTG CAACCGGCGA GGTCCGCCAG GTTATGCCA 1560
CCCTTTTGA AGAGCGCAAT TTCCAGCTG AACTGTTCG TTTCTTGTCT TCCCGCGTT 1620
CCGACGCCG TAAGATTGAA TTC 1643
```

配列番号：2

配列の長さ：1643

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列

```
TCGCGAAGTA GCACCTGTCA CTTTGTCTC AAATATTAAA TCGAATATCA ATATACGGTC 60
TGTTTATTGG AAGCATCCC AGTGCTGAG ACGCATCCGC TAAAGCCCA GGAACCTGT 120
GCAGAAAGAA AACACTCCTC TGGCTAGGTA GACACAGTTT ATAAAGGTAG AGTTGAGCCG 180
GTAACGTGCA GCACGTAGAT CGAAAGGTGC ACAAAGGTGG CCTGGTGGT ACAGAAATAT 240
```

配列番号：1

配列の長さ：1643

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：genomic DNA

起源

生物名：コリネバクテリウム・グルタミカム(Corynebacterium glutamicum)

株名：ATCC 13869

配列の種類：genomic DNA

起源

生物名：コリネバクテリウム・グルタミカム(Corynebacterium glutamicum)

株名：AJ3463

GGCGGTTCCCT CGCTTGAGAG TGGGGAACGC ATTAGAAACG TCGCTGAACG GATCGTTGCC 300
 ACCAAGAAGC CTGGAATGA TGTCTGGTT GTCTGCTCCG CAATGGGAGA CACCACGGAT 360
 GAACTTCTAG AACTTGCAGC GGCAGTGAAT CCCGTTCCGC CAGCTCGTGA AATGGATATG 420
 CTCTGACTG CTGGTGAGCG TATTTCTAAC GCTCTCGTCC CCATGGGTAT TGAGTCCCTT 480
 GGCGCAGAAG CTCAATCTTT CACTGGCTCT CAGGCTGGTG TGCTCACCAC CGAGCGCCAC 540
 GGAAACGCAC GCATTGTGA CGTCACCCG GGTCTGTGTC GTGAAGCACT CGATGAGGGC 600
 AAGATCTGCA TTGTTGCTGG TTTTCAGGGT GTTAATAAAG AAACCCGCGA TGTCAACACG 660
 TTGGGTCTGT GTGGTTCTGA CACCACTGCA GTTGCCTTGG CAGCTGCTTT GAACTGTGAT 720
 GTGTGTGAGA TTTACTCGGA CGTTGACCGT GTGTATACCG CTGACCCGCG CATCGTTCCT 780
 AATGCACAGA AGCTGGAATA GCTCAGCTTC GAAGAAATGC TGGAACTTGC TGCTGTTGGC 840
 TCCAAGATT TGGTGCTGCG CAGTGTGAA TACGCTCGTG CATTCATGT GCCACTTCGC 900
 GTACGCTCGT CTATAGTAA TGATCCCGGC ACTTTGATTG CCGGCTCTAT CGAGGATATT 960
 CCTGTGGAAG AAGCAGTCTT TACCGGTGTC GCAACCGACA AGTCGAAGC CAAAGTAACC 1020
 GTTCTGGGA TTTCCGATAA GCCAGCGGAG ACTGCCAAGG TTTTCCGTGC GTTGCTGAT 1080
 GCAGAAATCA ACATTGACAT GGTCTGCAG AACGTCTCCT CTGTGGAAGA CGGCACCAOC 1140
 GACATCAGT TCACTGCCC TCGGCTGAC GGACGCGTG CGATGGAGAT CTGAAGAAG 1200
 CTTCAAGTTC AGGCAACTG GACCAATGTG CTTACGAGC ACCAGTCCG CAAAGTCTCC 1260
 CTCGTGGTG CTGGCATGAA GTCTACCCA GGTGTACCG CAGAGTTCAT GGAAGCTCTG 1320
 CGCGATGCA ACGTGAACAT CGAATTGATT TCCACCTCTG AGATCCGAT TTCGTGCTG 1380
 ATCCGTGAAG ATGATCTGGA TGCTGCTGCA CGTGCAATGC ATGAGCAGTT CCAGCTGGGC 1440
 GGCGAAGACG AAGCGTCTG TTATGCAGC ACCGACGCT AAAGTTTAA AGGAGTAGTT 1500
 TTACAATGAC CACCATCGCA GTTGTGGTG CAACCGCCA GGTGGCCAG GTTATGCGCA 1560
 CCCTTTTGA AGAGCGCAAT TTCCAGCTG AACTGTTCG TTTCTTGCT TCCCGCGTT 1620
 CCGCAGCGCG TAAGATTGAA TTC 1643

配列番号 : 3

配列の長さ : 421

配列の型 : アミノ酸

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : ペプチド

起源

生物名 : コリネバクテリウム・グルタミカム(Corynebacterium glutamicum)

株名 : ATCC13869

配列

Met Ala Leu Val Val Gln Lys Tyr Gly Gly Ser Ser Leu Glu Ser Ala 16
 Glu Arg Ile Arg Asn Val Ala Glu Arg Ile Val Ala Thr Lys Lys Ala 32
 Gly Asn Asp Val Val Val Val Cys Ser Ala Met Gly Asp Thr Thr Asp 48
 Glu Leu Leu Glu Leu Ala Ala Ala Val Asn Pro Val Pro Pro Ala Arg 64
 Glu Met Asp Met Leu Leu Thr Ala Gly Glu Arg Ile Ser Asn Ala Leu 80
 Val Ala Met Ala Ile Glu Ser Leu Gly Ala Glu Ala Gln Ser Phe Thr 96
 Gly Ser Gln Ala Gly Val Leu Thr Thr Glu Arg His Gly Asn Ala Arg 112
 Ile Val Asp Val Thr Pro Gly Arg Val Arg Glu Ala Leu Asp Glu Gly 128
 Lys Ile Cys Ile Val Ala Gly Phe Gln Gly Val Asn Lys Glu Thr Arg 144
 Asp Val Thr Thr Leu Gly Arg Gly Gly Ser Asp Thr Thr Ala Val Ala 160
 Leu Ala Ala Ala Leu Asn Ala Asp Val Cys Glu Ile Tyr Ser Asp Val 176
 Asp Gly Val Tyr Thr Ala Asp Pro Arg Ile Val Pro Asn Ala Gln Lys 192
 Leu Glu Lys Leu Ser Phe Glu Glu Met Leu Glu Leu Ala Ala Val Gly 208
 Ser Lys Ile Leu Val Leu Arg Ser Val Glu Tyr Ala Arg Ala Phe Asn 224
 Val Pro Leu Arg Val Arg Ser Ser Tyr Ser Asn Asp Pro Gly Thr Leu 240
 Ile Ala Gly Ser Met Glu Asp Ile Pro Val Glu Glu Ala Val Leu Thr 256
 Gly Val Ala Thr Asp Lys Ser Glu Ala Lys Val Thr Val Leu Gly Ile 272
 Ser Asp Lys Pro Gly Glu Ala Ala Lys Val Phe Arg Ala Leu Ala Asp 288
 Ala Glu Ile Asn Ile Asp Met Val Leu Gln Asn Val Ser Ser Val Glu 304
 Asp Gly Thr Thr Asp Ile Thr Phe Thr Cys Pro Arg Ala Asp Gly Arg 320

Arg Ala Met Glu Ile Leu Lys Lys Leu Gln Val Gln Gly Asn Trp Thr 336
 Asn Val Leu Tyr Asp Asp Gln Val Gly Lys Val Ser Leu Val Gly Ala 352
 Gly Met Lys Ser His Pro Gly Val Thr Ala Glu Phe Met Glu Ala Leu 368
 Arg Asp Val Asn Val Asn Ile Glu Leu Ile Ser Thr Ser Glu Ile Arg 384
 Ile Ser Val Leu Ile Arg Glu Asp Asp Leu Asp Ala Ala Ala Arg Ala 400
 Leu His Glu Gln Phe Gln Leu Gly Gly Glu Asp Glu Ala Val Val Tyr 416
 Ala Gly Thr Gly Arg 421

配列番号 : 4

配列の長さ : 421

配列の型 : アミノ酸

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : ペプチド

起源

生物名 : コリネバクテリウム・グルタミカム(Corynebacterium glutami
 cum)

株名 : AJ3463

配列

Met Ala Leu Val Val Gln Lys Tyr Gly Gly Ser Ser Leu Glu Ser Ala 16
 Glu Arg Ile Arg Asn Val Ala Glu Arg Ile Val Ala Thr Lys Lys Ala 32
 Gly Asn Asp Val Val Val Val Cys Ser Ala Met Gly Asp Thr Thr Asp 48
 Glu Leu Leu Glu Leu Ala Ala Ala Val Asn Pro Val Pro Pro Ala Arg 64
 Glu Met Asp Met Leu Leu Thr Ala Gly Glu Arg Ile Ser Asn Ala Leu 80
 Val Ala Met Ala Ile Glu Ser Leu Gly Ala Glu Ala Gln Ser Phe Thr 96
 Gly Ser Gln Ala Gly Val Leu Thr Thr Glu Arg His Gly Asn Ala Arg 112
 Ile Val Asp Val Thr Pro Gly Arg Val Arg Glu Ala Leu Asp Glu Gly 128
 Lys Ile Cys Ile Val Ala Gly Phe Gln Gly Val Asn Lys Glu Thr Arg 144
 Asp Val Thr Thr Leu Gly Arg Gly Gly Ser Asp Thr Thr Ala Val Ala 160
 Leu Ala Ala Ala Leu Asn Ala Asp Val Cys Glu Ile Tyr Ser Asp Val 176
 Asp Gly Val Tyr Thr Ala Asp Pro Arg Ile Val Pro Asn Ala Gln Lys 192
 Leu Glu Lys Leu Ser Phe Glu Glu Met Leu Glu Leu Ala Ala Val Gly 208
 Ser Lys Ile Leu Val Leu Arg Ser Val Glu Tyr Ala Arg Ala Phe Asn 224
 Val Pro Leu Arg Val Arg Ser Ser Tyr Ser Asn Asp Pro Gly Thr Leu 240
 Ile Ala Gly Ser Met Glu Asp Ile Pro Val Glu Glu Ala Val Leu Thr 256
 Gly Val Ala Thr Asp Lys Ser Glu Ala Lys Val Thr Val Leu Gly Ile 272
 Ser Asp Lys Pro Gly Glu Thr Ala Lys Val Phe Arg Ala Leu Ala Asp 288
 Ala Glu Ile Asn Ile Asp Met Val Leu Gln Asn Val Ser Ser Val Glu 304
 Asp Gly Thr Thr Asp Ile Thr Phe Thr Cys Pro Arg Ala Asp Gly Arg 320
 Arg Ala Met Glu Ile Leu Lys Lys Leu Gln Val Gln Gly Asn Trp Thr 336
 Asn Val Leu Tyr Asp Asp Gln Val Gly Lys Val Ser Leu Val Gly Ala 352
 Gly Met Lys Ser His Pro Gly Val Thr Ala Glu Phe Met Glu Ala Leu 368
 Arg Asp Val Asn Val Asn Ile Glu Leu Ile Ser Thr Ser Glu Ile Arg 384
 Ile Ser Val Leu Ile Arg Glu Asp Asp Leu Asp Ala Ala Ala Arg Ala 400
 Leu His Glu Gln Phe Gln Leu Gly Gly Glu Asp Glu Ala Val Val Tyr 416
 Ala Gly Thr Gly Arg 421

配列番号 : 5

配列の長さ : 172

配列の型 : アミノ酸

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : ペプチド

起源

生物名 : コリネバクテリウム・グルタミカム(Corynebacterium glutami
 cum)

株名 : ATCC13869

配列

Met Glu Glu Ala Val Leu Thr Gly Va
 l Ala Thr Asp Lys Ser Glu Ala 16
 Lys Val Thr Val Leu Gly Ile Ser As
 p Lys Pro Gly Glu Ala Ala Lys 32

Val Phe Arg Ala Leu Ala Asp Ala Gl
 u Ile Asn Ile Asp Met Val Leu 48
 Gln Asn Val Ser Ser Val Glu Asp Gl
 y Thr Thr Asp Ile Thr Phe Thr 64
 Cys Pro Arg Ala Asp Gly Arg Arg Al
 a Met Glu Ile Leu Lys Lys Leu 80
 Gln Val Gln Gly Asn Trp Thr Asn Va
 l Leu Tyr Asp Asp Gln Val Gly 96
 Lys Val Ser Leu Val Gly Ala Gly Me
 t Lys Ser His Pro Gly Val Thr 112
 Ala Glu Phe Met Glu Ala Leu Arg As
 p Val Asn Val Asn Ile Glu Leu 128
 Ile Ser Thr Ser Glu Ile Arg Ile Se
 r Val Leu Ile Arg Glu Asp Asp 144
 Leu Asp Ala Ala Ala Arg Ala Leu Hi
 s Glu Gln Phe Gln Leu Gly Gly 160
 Glu Asp Glu Ala Val Val Tyr Ala Gl
 y Thr Gly Arg 172

配列番号 : 6

配列の長さ : 172

配列の型 : アミノ酸

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : ペプチド

起源

生物名 : コリネバクテリウム・グリュタミカム(Corynebacterium glutami
cum)

株名 : AJ3463

配列

Met Glu Glu Ala Val Leu Thr Gly Val Ala Thr Asp Lys Ser Glu Ala 16
 Lys Val Thr Val Leu Gly Ile Ser Asp Lys Pro Gly Glu Thr Ala Lys 32
 Val Phe Arg Ala Leu Ala Asp Ala Glu Ile Asn Ile Asp Met Val Leu 48
 Gln Asn Val Ser Ser Val Glu Asp Gly Thr Thr Asp Ile Thr Phe Thr 64
 Cys Pro Arg Ala Asp Gly Arg Arg Ala Met Glu Ile Leu Lys Lys Leu 80
 Gln Val Gln Gly Asn Trp Thr Asn Val Leu Tyr Asp Asp Gln Val Gly 96
 Lys Val Ser Leu Val Gly Ala Gly Met Lys Ser His Pro Gly Val Thr 112
 Ala Glu Phe Met Glu Ala Leu Arg Asp Val Asn Val Asn Ile Glu Leu 128
 Ile Ser Thr Ser Glu Ile Arg Ile Ser Val Leu Ile Arg Glu Asp Asp 144
 Leu Asp Ala Ala Ala Arg Ala Leu His Glu Gln Phe Gln Leu Gly Gly 160
 Glu Asp Glu Ala Val Val Tyr Ala Gly Thr Gly Arg 172

配列番号 : 7

配列の長さ : 1643

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : genomic DNA

起源

生物名 : コリネバクテリウム・グリュタミカム(Corynebacterium glutami
cum)

株名 : ATCC 13869

配列の特徴 : mat peptide

存在位置 : 217..1482

特徴を決定した方法 : S

配列

TCGCGAAGTA GCACTGTCA CTTTGTCTC AAATATTAAT TCGAATATCA ATATACGGTC 60
 TGTATTATGG AACGCATCCC AGTGGCTGAG ACGCATCCGC TAAAGCCCCA GGAACCTGT 120
 GCAGAAAGAA AACACTCTCT TGGCTAGGTA CACACAGTTT ATAAAGGTAG AGTTGACGG 180
 GTAACGTGCA GCACGTAGAT CGAAAGGTGC ACAAAG GTG GCC CTG GTC GTA CAG 234
 Met Ala Leu Val Val Gln
 1 5
 AAA TAT GGC GGT TCC TCG CTT GAG AGT GCG GAA CGC ATT AGA AAC GTC 282

Lys Tyr Gly Gly Ser Ser Leu Glu Ser Ala Glu Arg Ile Arg Asn Val	
10 15 20	
GCT GAA CGG ATC GTT GCC ACC AAG AAG GCT GGA AAT GAT GTC GTG GTT	330
Ala Glu Arg Ile Val Ala Thr Lys Lys Ala Gly Asn Asp Val Val Val	
25 30 35	
GTC TGC TCC GCA ATG GGA GAC ACC ACG GAT GAA CTT CTA GAA CTT GCA	378
Val Cys Ser Ala Met Gly Asp Thr Thr Asp Glu Leu Leu Glu Leu Ala	
40 45 50	
GCG GCA GTG AAT CCC GTT CCG CCA GCT CGT GAA ATG GAT ATG CTC CTG	426
Ala Ala Val Asn Pro Val Pro Pro Ala Arg Glu Met Asp Met Leu Leu	
55 60 65 70	
ACT GCT GGT GAG CGT ATT TCT AAC GCT CTC GTC GCC ATG GCT ATT GAG	474
Thr Ala Gly Glu Arg Ile Ser Asn Ala Leu Val Ala Met Ala Ile Glu	
75 80 85	
TCC CTT GGC GCA GAA GCT CAA TCT TTC ACT GGC TCT CAG GCT GGT GTG	522
Ser Leu Gly Ala Glu Ala Gln Ser Phe Thr Gly Ser Gln Ala Gly Val	
90 95 100	
CTC ACC ACC GAG CGC CAC GGA AAC GCA CGC ATT GTT GAC GTC ACA CCG	570
Leu Thr Thr Glu Arg His Gly Asn Ala Arg Ile Val Asp Val Thr Pro	
105 110 115	
GGT CGT GTG CGT GAA GCA CTC GAT GAG GGC AAG ATC TGC ATT GTT GCT	618
Gly Arg Val Arg Glu Ala Leu Asp Glu Gly Lys Ile Cys Ile Val Ala	
120 125 130	
GGT TTT CAG GGT GTT AAT AAA GAA ACC CGC GAT GTC ACC ACG TTG GGT	666
Gly Phe Gln Gly Val Asn Lys Glu Thr Arg Asp Val Thr Thr Leu Gly	
135 140 145 150	
CGT GGT GGT TCT GAC ACC ACT GCA GTT GCG TTG GCA GCT GCT TTG AAC	714
Arg Gly Gly Ser Asp Thr Thr Ala Val Ala Leu Ala Ala Ala Leu Asn	
155 160 165	
GCT GAT GTG TGT GAG ATT TAC TCG GAC GTT GAC GGT GTG TAT ACC GCT	762
Ala Asp Val Cys Glu Ile Tyr Ser Asp Val Asp Gly Val Tyr Thr Ala	
170 175 180	
GAC CCG CGC ATC GTT CCT AAT GCA CAG AAG CTG GAA AAG CTC AGC TTC	810
Asp Pro Arg Ile Val Pro Asn Ala Gln Lys Leu Glu Lys Leu Ser Phe	
185 190 195	
GAA GAA ATG CTG GAA CTT GCT GCT GTT GGC TCC AAG ATT TTG GTG CTG	858
Glu Glu Met Leu Glu Leu Ala Ala Val Gly Ser Lys Ile Leu Val Leu	
200 205 210	
CGC AGT GTT GAA TAC GCT CGT GCA TTC AAT GTG CCA CTT CGC GTA CGC	906
Arg Ser Val Glu Tyr Ala Arg Ala Phe Asn Val Pro Leu Arg Val Arg	
215 220 225 230	
TCC TCT TAT AGT AAT GAT CCC GGC ACT TTG ATT GCC GGC TCT ATG GAG	954
Ser Ser Tyr Ser Asn Asp Pro Gly Thr Leu Ile Ala Gly Ser Met Glu	
235 240 245	
GAT ATT CCT GTG GAA GAA GCA GTC CTT ACC GGT GTC GCA ACC GAC AAG	1002
Asp Ile Pro Val Glu Glu Ala Val Leu Thr Gly Val Ala Thr Asp Lys	
250 255 260	
TCC GAA GCC AAA GTA ACC GTT CTG GGT ATT TCC GAT AAG CCA GGC GAG	1050
Ser Glu Ala Lys Val Thr Val Leu Gly Ile Ser Asp Lys Pro Gly Glu	
265 270 275	

GCT GCC AAG GTT TTC CGT GCG TTG GCT GAT GCA GAA ATC AAC ATT GAC	1098
Ala Ala Lys Val Phe Arg Ala Leu Ala Asp Ala Glu Ile Asn Ile Asp	
280 285 290	
ATG GTT CTG CAG AAC GTC TCC TCT GTG GAA GAC GGC ACC ACC GAC ATC	1146
Met Val Leu Gln Asn Val Ser Ser Val Glu Asp Gly Thr Thr Asp Ile	
295 300 305 310	
ACG TTC ACC TGC CCT CGC GCT GAC GGA CGC CGT GCG ATG GAG ATC TTG	1194
Thr Phe Thr Cys Pro Arg Ala Asp Gly Arg Arg Ala Met Glu Ile Leu	
315 320 325	
AAG AAG CTT CAG GTT CAG GGC AAC TGG ACC AAT GTG CTT TAC GAC GAC	1242
Lys Lys Leu Gln Val Gln Gly Asn Trp Thr Asn Val Leu Tyr Asp Asp	
330 335 340	
CAG GTC GGC AAA GTC TCC CTC GTG GGT GCT GGC ATG AAG TCT CAC CCA	1290
Gln Val Gly Lys Val Ser Leu Val Gly Ala Gly Met Lys Ser His Pro	
345 350 355	
GGT GTT ACC GCA GAG TTC ATG GAA GCT CTG CGC GAT GTC AAC GTG AAC	1338
Gly Val Thr Ala Glu Phe Met Glu Ala Leu Arg Asp Val Asn Val Asn	
360 365 370	
ATC GAA TTG ATT TCC ACC TCT GAG ATC CGC ATT TCC GTG CTG ATC CGT	1386
Ile Glu Leu Ile Ser Thr Ser Glu Ile Arg Ile Ser Val Leu Ile Arg	
375 380 385 390	
GAA GAT GAT CTG GAT GCT GCT GCA CGT GCA TTG CAT GAG CAG TTC CAG	1434
Glu Asp Asp Leu Asp Ala Ala Ala Arg Ala Leu His Glu Gln Phe Gln	
395 400 405	
CTG GGC GGC GAA GAC GAA GGC GTC GTT TAT GCA GGC ACC GGA CGC TAA	1482
Leu Gly Gly Glu Asp Glu Ala Val Val Tyr Ala Gly Thr Gly Arg	
410 415 420 421	
AGTTTAAAG GAGTAGTTTT ACAATGACCA CCATCGCAGT TGTGGTGCA ACCGGCCAGG	1542
TCGGCCAGGT TATGCGCACC CTTTGGGAAG AGCGCAATTT CCAGCTGAC ACTGTTGTT	1602
TCTTTGCTTC CCGCGTTCC GCAGGCCGTA AGATTGAATT C	1643

配列番号 : 8

配列の長さ : 1643

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : genomic DNA

起源

生物名 : コリネバクテリウム・グルタミカム(Corynebacterium glutami cum)

株名 : AJ3463

配列の特徴 : mat peptide

存在位置 : 217..1482

特徴を決定した方法 : S

配列

TCGCGAAGTA GCACCTGTCA CTTTGTCTC AAATATTAAT TCGAATATCA ATATACGGTC	60
TGTTTATTGG AACGCATCCC AGTGGCTGAG ACGCATCCGC TAAAGCCCCA GGAACCCGTG	120
GCAGAAAGAA AACACTCCTC TGGCTAGGTA GACACAGTTT ATAAAGGTAG AGTTGAGCGG	180
GTAACGTGCA GCACTAGAT CGAAAGGTGC ACAAAG GTG GCC CTG GTC GTA CAG	234
Met Ala Leu Val Val Gln	
1 5	
AAA TAT GGC GGT TCC TCG CTT GAG AGT GCG GAA CGC ATT AGA AAC GTC	282
Lys Tyr Gly Gly Ser Ser Leu Glu Ser Ala Glu Arg Ile Arg Asn Val	
10 15 20	
GCT GAA CGG ATC GTT GCC ACC AAG AAG GCT GGA AAT GAT GTC GTG GTT	330
Ala Glu Arg Ile Val Ala Thr Lys Lys Ala Gly Asn Asp Val Val Val	
25 30 35	

GTC TGC TCC GCA ATG GGA GAC ACC ACG GAT GAA CTT CTA GAA CTT GCA	378
Val Cys Ser Ala Met Gly Asp Thr Thr Asp Glu Leu Leu Glu Leu Ala	
40 45 50	
GGC GCA GTG AAT CCC GTT CCG CCA GCT CGT GAA ATG GAT ATG CTC CTG	426
Ala Ala Val Asn Pro Val Pro Pro Ala Arg Glu Met Asp Met Leu Leu	
55 60 65 70	
ACT GCT GGT GAG CGT ATT TCT AAC GCT CTC GTC GCC ATG GCT ATT GAG	474
Thr Ala Gly Glu Arg Ile Ser Asn Ala Leu Val Ala Met Ala Ile Glu	
75 80 85	
TCC CTT GGC GCA GAA GCT CAA TCT TTC ACT GGC TCT CAG GCT GGT GTG	522
Ser Leu Gly Ala Glu Ala Gln Ser Phe Thr Gly Ser Gln Ala Gly Val	
90 95 100	
CTC ACC ACC GAG CGC CAC GGA AAC GCA CGC ATT GTT GAC GTC ACA CCG	570
Leu Thr Thr Glu Arg His Gly Asn Ala Arg Ile Val Asp Val Thr Pro	
105 110 115	
GGT CGT GTG CGT GAA GCA CTC GAT GAG GGC AAG ATC TGC ATT GTT GCT	618
Gly Arg Val Arg Glu Ala Leu Asp Glu Gly Lys Ile Cys Ile Val Ala	
120 125 130	
GGT TTT CAG GGT GTT AAT AAA GAA ACC CGC GAT GTC ACC ACG TTG GGT	666
Gly Phe Gln Gly Val Asn Lys Glu Thr Arg Asp Val Thr Thr Leu Gly	
135 140 145 150	
CGT GGT GGT TCT GAC ACC ACT GCA GTT GCG TTG GCA GCT GCT TTG AAC	714
Arg Gly Gly Ser Asp Thr Thr Ala Val Ala Leu Ala Ala Ala Leu Asn	
155 160 165	
GCT GAT GTG TGT GAG ATT TAC TCG GAC GTT GAC GGT GTG TAT ACC GCT	762
Ala Asp Val Cys Glu Ile Tyr Ser Asp Val Asp Gly Val Tyr Thr Ala	
170 175 180	
GAC CCG CGC ATC GTT CCT AAT GCA CAG AAG CTG GAA AAG CTC AGC TTC	810
Asp Pro Arg Ile Val Pro Asn Ala Gln Lys Leu Glu Lys Leu Ser Phe	
185 190 195	
GAA GAA ATG CTG GAA CTT GCT GCT GTT GGC TCC AAG ATT TTG GTG CTG	858
Glu Glu Met Leu Glu Leu Ala Ala Val Gly Ser Lys Ile Leu Val Leu	
200 205 210	
CGC AGT GTT GAA TAC GCT CGT GCA TTC AAT GTG CCA CTT CGC GTA CGC	906
Arg Ser Val Glu Tyr Ala Arg Ala Phe Asn Val Pro Leu Arg Val Arg	
215 220 225 230	
TCG TCT TAT AGT AAT GAT CCC GGC ACT TTG ATT GCC GGC TCT ATG GAG	954
Ser Ser Tyr Ser Asn Asp Pro Gly Thr Leu Ile Ala Gly Ser Met Glu	
235 240 245	
GAT ATT CCT GTG GAA GAA GCA GTC CTT ACC GGT GTC GCA ACC GAC AAG	1002
Asp Ile Pro Val Glu Glu Ala Val Leu Thr Gly Val Ala Thr Asp Lys	
250 255 260	
TCC GAA GCC AAA GTA ACC GTT CTG GGT ATT TCC GAT AAG CCA GGC GAG	1050
Ser Glu Ala Lys Val Thr Val Leu Gly Ile Ser Asp Lys Pro Gly Glu	
265 270 275	
ACT GCC AAG GTT TTC CGT GCG TTG GCT GAT GCA GAA ATC AAC ATT GAC	1098
Thr Ala Lys Val Phe Arg Ala Leu Ala Asp Ala Glu Ile Asn Ile Asp	
280 285 290	
ATG GTT CTG CAG AAC GTC TCC TCT GTG GAA GAC GGC ACC ACC GAC ATC	1146
Met Val Leu Gln Asn Val Ser Ser Val Glu Asp Gly Thr Thr Asp Ile	

```

295          300          305          310
ACG TTC ACC TGC OCT CGC GCT GAC GGA CGC CGT GCG ATG GAG ATC TTG   1194
Thr Phe Thr Cys Pro Arg Ala Asp Gly Arg Arg Ala Met Glu Ile Leu

          315          320          325
AAG AAG CTT CAG GTT CAG GGC AAC TGG ACC AAT GTG CTT TAC GAC GAC   1242
Lys Lys Leu Gln Val Gln Gly Asn Trp Thr Asn Val Leu Tyr Asp Asp

          330          335          340
CAG GTC GGC AAA GTC TCC CTC GTG GGT GCT GGC ATG AAG TCT CAC CCA   1290
Gln Val Gly Lys Val Ser Leu Val Gly Ala Gly Met Lys Ser His Pro

          345          350          355
GGT GTT ACC GCA GAG TTC ATG GAA GCT CTG CGC GAT GTC AAC GTG AAC   1338
Gly Val Thr Ala Glu Phe Met Glu Ala Leu Arg Asp Val Asn Val Asn

          360          365          370
ATC GAA TTG ATT TCC ACC TCT GAG ATC CGC ATT TCC GTG CTG ATC CGT   1386
Ile Glu Leu Ile Ser Thr Ser Glu Ile Arg Ile Ser Val Leu Ile Arg

          375          380          385          390
GAA GAT GAT CTG GAT GCT GCT GCA CGT GCA TTG CAT GAG CAG TTC CAG   1434
Glu Asp Asp Leu Asp Ala Ala Ala Arg Ala Leu His Glu Gln Phe Gln

          395          400          405
CTG GGC GGC GAA GAC GAA GCC GTC GTT TAT GCA GGC ACC GGA CGC TAA   1482
Leu Gly Gly Glu Asp Glu Ala Val Val Tyr Ala Gly Thr Gly Arg

          410          415          420 421
AGTTTAAAG CAGTAGTTT ACAATGACCA CCATCGCAGT TGTGGTGCA ACCGGCCAGG   1542
TCGGCCAGGT TATGCCACCC CTTTGGGAAG AGCGCAATTT CCCAGCTGAC ACTGTTGTT   1602
TCTTTGCTTC CCCGCGTTCC GCAGGCCGTA AGATTGAATT C   1643

```

配列番号 : 9

配列の長さ : 1643

配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖

トポロジー : 直鎖状

配列の種類 : genomic DNA

起源

生物名 : コリネバクテリウム グルタミカム (Corynebacterium glutami cum)

株名 : ATCC13869

配列の特徴 : mat peptide

存在位置 : 964..1482

特徴を決定した方法 : S

配列

```

TCGCGAAGTA GCACCTGTCA CTTTGTCTC AAA
TATTAAA TCGAATATCA ATATACGGTC 60
TGTTTATTGG AACGCATCCC AGTGGCTGAG ACG
CATCCGC TAAAGCCCCA GGAACCCTGT 120
GCAGAAAGAA AACACTCCTC TGGCTAGGTA GAC
ACAGTTT ATAAAGGTAG AGTTGAGCGG 180
GTAAGTGG CCCTGGTCGT ACAGAAATAT 240
GGCGGTTCCCT CGCTTGAGAG TCGGGAACGC ATT
AGAAACG TCGCTGAACG GATCGTTGCC 300
ACCAAGAAGG CTGGAATGA TGTGCTGGTT GTC
TGCTCCG CAATGGGAGA CACCACGGAT 360
GAACTTCTAG AACTTGCAGC GGCAGTGAAT CCC
GTTCCGC CAGCTCGTGA AATGGATATG 420
CTCCTGACTG CTGGTGAGCG TATTTCTAAC GCT
CTCGTCG CCATGGCTAT TGAGTCCCTT 480
GGCGCAGAAG CTCAATCTTT CACTGGCTCT CAG

```

GCTGGTG TGCTCACCAC CGAGCGCCAC 540
GGAAACGCAC GCATTGTTGA CGTCACACCG GGT
CGTGTGC GTGAAGCACT CGATGAGGGC 600
AAGATCTGCA TTGTTGCTGG TTTTCAGGGT GTT
AATAAAG AAACCCGCGA TGTCACCACG 660
TTGGGTCGTG GTGGTTCTGA CACCACTGCA GTT
GCGTTGG CAGCTGCTTT GAACGCTGAT 720
GTGTGTGAGA TTTACTCGGA CGTTGACGGT GTG
TATACCG CTGACCCGCG CATCGTTCCT 780
AATGCACAGA AGCTGGAAAA GCTCAGCTTC GAA
GAAATGC TGGAACCTGC TGCTGTTGGC 840
TCCAAGATTT TGGTGCTGCG CAGTGTTGAA TAC
GCTCGTG CATTCAATGT GCCACTTCGC 900
GTACGCTCGT CTTATAGTAA TGATCCCGGC ACT
TTGATTG CCGGCTCTAT GGAGGATATT 960
CCT GTG GAA GAA GCA GTC CTT ACC GGT
GTC GCA ACC GAC AAG TCC GAA 1008
Met Glu Glu Ala Val Leu Thr Gly
Val Ala Thr Asp Lys Ser Glu
1 5
10 15
GCC AAA GTA ACC GTT CTG GGT ATT TCC
GAT AAG CCA GGC GAG GCT GCC 1056
Ala Lys Val Thr Val Leu Gly Ile Ser
Asp Lys Pro Gly Glu Ala Ala
20
25 30
AAG GTT TTC CGT GCG TTG GCT GAT GCA
GAA ATC AAC ATT GAC ATG GTT 1104
Lys Val Phe Arg Ala Leu Ala Asp Ala
Glu Ile Asn Ile Asp Met Val
35 40
45
CTG CAG AAC GTC TCC TCT GTG GAA GAC
GGC ACC ACC GAC ATC ACG TTC 1152
Leu Gln Asn Val Ser Ser Val Glu Asp
Gly Thr Thr Asp Ile Thr Phe
50 55
60
ACC TGC CCT CGC GCT GAC GGA CGC CGT
GCG ATG GAG ATC TTG AAG AAG 1200
Thr Cys Pro Arg Ala Asp Gly Arg Arg
Ala Met Glu Ile Leu Lys Lys
65 70
75
CTT CAG GTT CAG GGC AAC TGG ACC AAT
GTG CTT TAC GAC GAC CAG GTC 1248
Leu Gln Val Gln Gly Asn Trp Thr Asn
Val Leu Tyr Asp Asp Gln Val
80 85

```

          90                      95
GGC AAA GTC TCC CTC GTG GGT GCT GGC
ATG AAG TCT CAC CCA GGT GTT      1296
Gly Lys Val Ser Leu Val Gly Ala Gly
Met Lys Ser His Pro Gly Val

          100
105                      110
ACC GCA GAG TTC ATG GAA GCT CTG CGC
GAT GTC AAC GTG AAC ATC GAA      1344
Thr Ala Glu Phe Met Glu Ala Leu Arg
Asp Val Asn Val Asn Ile Glu

          115                      120
          125
TTG ATT TCC ACC TCT GAG ATC CGC ATT
TCC GTG CTG ATC CGT GAA GAT      1392
Leu Ile Ser Thr Ser Glu Ile Arg Ile
Ser Val Leu Ile Arg Glu Asp

          130                      135
          140
GAT CTG GAT GCT GCT GCA CGT GCA TTG
CAT GAG CAG TTC CAG CTG GGC      1440
Asp Leu Asp Ala Ala Ala Arg Ala Leu
His Glu Gln Phe Gln Leu Gly

          145                      150
          155
GGC GAA GAC GAA GCC GTC GTT TAT GCA
GGC ACC GGA CGC TAAAGTTTAA      1490
Gly Glu Asp Glu Ala Val Val Tyr Ala
Gly Thr Gly Arg

160                      165
          170          172
AGGAGTAGTT TTACAATGAC CACCATCGCA GTT
GTTGGTG CAACCGGCCA GGTCGGCCAG      1550
GTTATGCGCA CCCTTTTGGG AGAGCGCAAT TTC
CCAGCTG ACACTGTTTCG TTTCTTTGCT      1610
TCCCCGCGTT CCGCAGGCCG TAAGATTGAA TTC

          1643

```

配列番号: 10

配列の長さ: 1643

配列の型: 核酸

鎖の数: 二本鎖

トポロジー: 直鎖状

配列の種類: genomic DNA

起源

生物名: コリネバクテリウム グルタミンム (*Corynebacterium glutamicum*)

株名: AJ3463

配列の特徴: mat peptide

存在位置: 964..1482

特徴を決定した方法: S

配列

```

TCGCGAAGTA GCACCTGTCA CTTTTGTCTC AAATATTAAA TCGAATATCA ATATACGGTC      60
TGTTTATTGG AACGCATCCC AGTGGCTGAG ACGCATCCGC TAAAGCCCCA GGAACCCGT      120
GCAGAAAGAA AACACTCCTC TGGCTAGGTA GACACAGTTT ATAAAGGTAG AGTTGAGCGG      180
GTAAGTGTCA GCAAGTAGAT CGAAAGGTGC ACAAAGGTGG CCCTGGTCGT ACAGAAATAT      240
GGCGGTTTCT CGCTTGAGAG TCGGGAACGC ATTAGAAACG TCGCTGAACG GATCGTTGCC      300

```

ACCAAGAAGG CTGGAATGA TGTCGTGGTT GTCTGCTCCG CAATGGGAGA CACCAAGGAT	360
GAACCTCTAG AACTTGCAGC GGCAGTGAAT CCGTTCGCG CAGCTCGTGA AATGGATATG	420
CTCCTGACTG CTGGTGAGCG TATTTCTAAC GCTCTCGTCG CCATGGCTAT TGAGTCCCTT	480
GGCGCAGAAG CTCAATCTTT CACTGGCTCT CAGGCTGGTG TGCTCACCAC CGAGCGCCAC	540
GGAAACGCAC GCATTGTGA CGTCACACCG GGTGCTGTGC GTGAAGCACT CGATGAGGGC	600
AAGATCTGCA TTGTTCGTGG TTTTCAGGCT GTTAATAAAG AAACCCGCGA TGTCACCACG	660
TTGGGTGCTG GTGGTTCTGA CACCAGTCCA GTTGCGTTGG CAGCTGCTTT GAACGCTGAT	720
GTGTGTGAGA TTTACTCGGA CGTTGACGGT GTGTATACCG CTGACCCGCG CATCGTTCCT	780
AATGCACAGA AGCTGGAAAA GCTCAGCTTC GAAGAAATGC TGAACCTTGC TGCTGTTGGC	840
TCCAAGATT TTGGTCTGCG CAGTGTGAA TACGCTCGTG CATTCAATGT GCCACTTCGC	900
GTACGCTCGT CTTATAGTAA TGATCCCGGC ACTTTGATTG CCGGCTCTAT GGAGGATATT	960
CCT GTG GAA GAA GCA GTC CTT ACC GGT GTC GCA ACC GAC AAG TCC GAA	1008
Val Glu Glu Ala Val Leu Thr Gly Val Ala Thr Asp Lys Ser Glu	
1 5 10 15	
GCC AAA GTA ACC GTT CTG GGT ATT TCC GAT AAG CCA GGC GAG ACT GCC	1056
Ala Lys Val Thr Val Leu Gly Ile Ser Asp Lys Pro Gly Glu Thr Ala	
20 25 30	
AAG GTT TTC CGT GCG TTG GCT GAT GCA GAA ATC AAC ATT GAC ATG GTT	1104
Lys Val Phe Arg Ala Leu Ala Asp Ala Glu Ile Asn Ile Asp Met Val	
35 40 45	
CTG CAG AAC GTC TCC TCT GTG GAA GAC GGC ACC ACC GAC ATC ACG TTC	1152
Leu Gln Asn Val Ser Ser Val Glu Asp Gly Thr Thr Asp Ile Thr Phe	
50 55 60	
ACC TGC CCT CGC GCT GAC GGA CGC CGT GCG ATG GAG ATC TTG AAG AAG	1200
Thr Cys Pro Arg Ala Asp Gly Arg Arg Ala Met Glu Ile Leu Lys Lys	
65 70 75	
CTT CAG GTT CAG GGC AAC TGG ACC AAT GTG CTT TAC GAC GAC CAG GTC	1248
Leu Gln Val Gln Gly Asn Trp Thr Asn Val Leu Tyr Asp Asp Gln Val	
80 85 90 95	
GGC AAA GTC TCC CTC GTG GGT GCT GGC ATG AAG TCT CAC CCA GGT GTT	1296
Gly Lys Val Ser Leu Val Gly Ala Gly Met Lys Ser His Pro Gly Val	
100 105 110	
ACC GCA GAG TTC ATG GAA GCT CTG CGC GAT GTC AAC GTG AAC ATC GAA	1344
Thr Ala Glu Phe Met Glu Ala Leu Arg Asp Val Asn Val Asn Ile Glu	
115 120 125	
TTG ATT TCC ACC TCT GAG ATC CGC ATT TCC GTG CTG ATC CGT GAA GAT	1392
Leu Ile Ser Thr Ser Glu Ile Arg Ile Ser Val Leu Ile Arg Glu Asp	
130 135 140	
GAT CTG GAT GCT GCT GCA CGT GCA TTG CAT GAG CAG TTC CAG CTG GGC	1440
Asp Leu Asp Ala Ala Ala Arg Ala Leu His Glu Gln Phe Gln Leu Gly	
145 150 155	
GGC GAA GAC GAA GCC GTC GTT TAT GCA GGC ACC GGA CGC TAAAGTTTAA	1490
Gly Glu Asp Glu Ala Val Val Tyr Ala Gly Thr Gly Arg	
160 165 170 172	
AGGAGTAGTT TTACAATGAC CACCATCGCA GTTGTGGTG CAACCGGCCA GGTGGGCCAG	1550
GTTATGCCA CCTTTTGA AGAGCGCAAT TTCCAGCTG AACTGTTCG TTTCTTTGCT	1610
TCCCCGGTT CCGCAGGCCG TAAGATTGAA TTC	1643

配列番号 : 11
 配列の長さ : 1263
 配列の型 : 核酸

鎖の数 : 二本鎖
 トポロジー : 直鎖状
 配列の種類 : genomic DNA

起源

生物名：コリネバクテリウム グルタミンム(Corynebacterium glutami

cum)

株名：ATCC 13869

配列

```
TCGCGAAGTA GCACCTGTCA CTTTGTCTC AAATATTAAA TCGAATATCA ATATACGGTC 60
TGTTTATTGG AACGCATCCC AGTGGCTGAG ACGCATCCGC TAAAGCCCCA GGAACCTGT 120
GCAGAAAGAA AACACTCCTC TGGCTAGGTA GACACAGTTT ATAAAGGTAG AGTTGAGCGG 180
GTGGCCTGG TCGTACAGAA ATATGGCGGT TCCTCGCTTG AGAGTCCGGA ACGCATTAGA 60
AACGTGCTG AACGGATCGT TGCCACCAAG AAGGCTGGAA ATGATGTGCT GGTGTCTGCTC 120
TCGCAATGG GAGACACCAC GGATGAACCT CTAGAACTTG CAGCGGCAGT GAATCCCGTT 180
CCGCCAGCTC GTGAAATGGA TATGCTCCTG ACTGCTGGTG AGCGTATTTC TAAAGCTCTC 240
GTCGCCATGG CTATTGAGTC CCTTGGCGCA GAAGCTCAAT CTTTCACTGG CTCTCAGGCT 300
GGTGTGCTCA CCACCGAGCG CCACGGAAAC GCACGCATTG TTGACGTCAC ACCGGGTCGT 360
GTGCGTGAAG CACTCGATGA GGGCAAGATC TGCATTGTTG CTGGTTTCA GCGTGTTAAT 420
AAAGAAACCC GCGATGTCAC CACGTTGGGT CGTGGTGGTT CTGACACCAC TGCAGTTGCG 480
TTGGCAGCTG CTTTGAACGC TGATGTGTGT GAGATTACT CCGACGTGTA CCGTGTGTAT 540
ACCGTGACC CGGCATCGT TCCTAATGCA CAGAAGCTGG AAAAGCTCAG CTTGGAAGAA 600
ATGCTGGAAC TTGCTGCTGT TGGCTCCAAG ATTTTGGTGC TGGCAGTGT TGAATACGCT 660
CGTGCAATCA ATGTGCCACT TCGGTACGC TCGTCTTATA GTAATGATCC CGGCACTTTG 720
ATTGCCGGCT CTATGGAGGA TATTCCTGTG GAAGAAGCAG TCCTTACCGG TGTCGCAACC 780
GACAAGTCCG AAGCAAAAGT AACCGTTCTG GGTATTTCCG ATAAGCCAGG CGAGGCTGCC 840
AAGGTTTTCC GTGGTTGGC TGATGCAGAA ATCAACATTG ACATGGTCTT GCAGAACGTC 900
TCCTCTGTGG AAGACGGCAC CACCGACATC ACGTTCACCT GCGCTCGCGC TGACGGACGC 960
CGTGGATGG AGATCTTGAA GAAGCTTCAG GTTCAGGGCA ACTGGACCAA TGTGCTTTAC 1020
GACGACCAGG TCGGAAAAGT CTCCTCGTG GGTGCTGGCA TGAAGTCTCA CCCAGGTGTT 1080
ACCGCAGAGT TCATGGAAGC TCTGCGCGAT GTCAACGTGA ACATGGAATT GATTTCACCC 1140
TCTGAGATCC GCATTTCCGT GCTGATCCGT GAAGATGATC TGGATGCTGC TGCACGTGCA 1200
TTGCATGAGC AGTTCCAGCT GGGCGCGCAA GACGAAGCCG TCGTTTATGC AGGCACCGGA 1260
CGC 1263
```

配列番号：12

配列の長さ：1263

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：genomic DNA

起源

生物名：コリネバクテリウム グルタミンム(Corynebacterium glutami

cum)

株名：AJ3463

配列

```
TCGCGAAGTA GCACCTGTCA CTTTGTCTC AAATATTAAA TCGAATATCA ATATACGGTC 60
TGTTTATTGG AACGCATCCC AGTGGCTGAG ACGCATCCGC TAAAGCCCCA GGAACCTGT 120
GCAGAAAGAA AACACTCCTC TGGCTAGGTA GACACAGTTT ATAAAGGTAG AGTTGAGCGG 180
GTGGCCTGG TCGTACAGAA ATATGGCGGT TCCTCGCTTG AGAGTCCGGA ACGCATTAGA 60
AACGTGCTG AACGGATCGT TGCCACCAAG AAGGCTGGAA ATGATGTGCT GGTGTCTGCTC 120
TCGCAATGG GAGACACCAC GGATGAACCT CTAGAACTTG CAGCGGCAGT GAATCCCGTT 180
CCGCCAGCTC GTGAAATGGA TATGCTCCTG ACTGCTGGTG AGCGTATTTC TAAAGCTCTC 240
GTCGCCATGG CTATTGAGTC CCTTGGCGCA GAAGCTCAAT CTTTCACTGG CTCTCAGGCT 300
GGTGTGCTCA CCACCGAGCG CCACGGAAAC GCACGCATTG TTGACGTCAC ACCGGGTCGT 360
GTGCGTGAAG CACTCGATGA GGGCAAGATC TGCATTGTTG CTGGTTTCA GCGTGTTAAT 420
AAAGAAACCC GCGATGTCAC CACGTTGGGT CGTGGTGGTT CTGACACCAC TGCAGTTGCG 480
TTGGCAGCTG CTTTGAACGC TGATGTGTGT GAGATTACT CCGACGTGTA CCGTGTGTAT 540
ACCGTGACC CGGCATCGT TCCTAATGCA CAGAAGCTGG AAAAGCTCAG CTTGGAAGAA 600
ATGCTGGAAC TTGCTGCTGT TGGCTCCAAG ATTTTGGTGC TGGCAGTGT TGAATACGCT 660
CGTGCAATCA ATGTGCCACT TCGGTACGC TCGTCTTATA GTAATGATCC CGGCACTTTG 720
ATTGCCGGCT CTATGGAGGA TATTCCTGTG GAAGAAGCAG TCCTTACCGG TGTCGCAACC 780
```

GACAAGTCCG AAGCCAAAGT AACCGTTCTG GGTATTTCGG ATAAGCCAGG CGAGACTGCC 840
AAGGTTTTCC GTCGTTTGGC TGATGCAGAA ATCAACATTG ACATGGTTCT GCAGAACGTC 900
TCCTCTGTGG AAGACGGCAC CACCGACATC ACGTTACCT GCCCTCGGC TGACGGACGC 960
CGTGCGATGG AGATCTTGAA GAAGCTTCAG GTTCAGGGCA ACTGGACCAA TGTGCTTTAC 1020
GACGACCAGG TCGCAAAGT CTCCCTCGTG GGTGCTGGCA TGAAGTCTCA CCCAGGTGTT 1080
ACCGCAGAGT TCATGGAAGC TCTGCGGAT GTCAACGTGA ACATCGAATT GATTTCACC 1140
TCTGAGATCC GCATTTCCGT GCTGATCCGT GAAGATGATC TGGATGCTGC TGCACGTGCA 1200
TTGCATGAGC AGTTCCAGCT GGGCGGCGAA GACGAAGCCG TCGTTTATGC AGGCACCGGA 1260
CGC 1263

配列番号: 13

配列の長さ: 516

配列の型: 核酸

鎖の数: 二本鎖

トポロジー: 直鎖状

配列の種類: genomic DNA

起源

生物名: コリネバクテリウム グルタミカム (Corynebacterium glutami-
cum)

株名: ATCC 13869

配列

GTGAAGAAG CAGTCCTTAC CGGTGTGCA ACGACAAGT CCGAAGCCAA AGTAACCGTT 60
CTGGTATTT CCGATAAGCC AGCGAGGCT GCCAAGGTT TCGTGCGTT GGCTGATGCA 120
GAAATCAACA TTGACATGGT TCTGCAGAAC GTCTCCTCTG TGAAGACGG CACCACCGAC 180
ATCAGTTCA CCTGCCCTCG CGCTGACGGA CGCGTGCGA TGGAGATCTT GAAGAAGCTT 240
CAGGTTCAAG GCAACTGGAC CAATGTGCTT TACGACGACC AGGTGCGCAA AGTCTCCCTC 300

GTGGTGCTG GCATGAAGTC TCACCCAGGT GTTACCGCAG AGTTCATGGA AGCTCTGCGC 360
GATGTCAACG TGAACATCGA ATTGATTTC ACCTCTGAGA TCGCATTTC CGTGCTGATC 420
CGTGAAGATG ATCTGGATGC TGCTGCAAGT GCATTGCATG AGCAGTTCCA GCTGGGCGGC 480
GAAGACGAAG CCGTCGTTTA TGCAGGCACC GGACGC 516

配列番号: 14

配列の長さ: 516

配列の型: 核酸

鎖の数: 二本鎖

トポロジー: 直鎖状

配列の種類: genomic DNA

起源

生物名: コリネバクテリウム グルタミカム (Corynebacterium glutami-
cum)

株名: AJ3463

配列

GTGAAGAAG CAGTCCTTAC CGGTGTGCA ACCGACAAGT CCGAAGCCAA AGTAACCGTT 60
CTGGTATTT CCGATAAGCC AGCGAGACT GCCAAGGTT TCGTGCGTT GGCTGATGCA 120
GAAATCAACA TTGACATGGT TCTGCAGAAC GTCTCCTCTG TGAAGACGG CACCACCGAC 180
ATCAGTTCA CCTGCCCTCG CGCTGACGGA CGCGTGCGA TGGAGATCTT GAAGAAGCTT 240
CAGGTTCAAG GCAACTGGAC CAATGTGCTT TACGACGACC AGGTGCGCAA AGTCTCCCTC 300
GTGGTGCTG GCATGAAGTC TCACCCAGGT GTTACCGCAG AGTTCATGGA AGCTCTGCGC 360
GATGTCAACG TGAACATCGA ATTGATTTC ACCTCTGAGA TCGCATTTC CGTGCTGATC 420
CGTGAAGATG ATCTGGATGC TGCTGCAAGT GCATTGCATG AGCAGTTCCA GCTGGGCGGC 480
GAAGACGAAG CCGTCGTTTA TGCAGGCACC GGACGC 516

配列番号: 15

配列の長さ: 23

配列の型: 核酸

鎖の数: 一本鎖

トポロジー: 直鎖状

配列の種類: 合成 DNA

配列

TCGCGAAGTA GCACCTGTCA CTT

23

配列番号: 16

配列の長さ: 21

配列の型: 核酸

鎖の数: 一本鎖

トポロジー: 直鎖状

配列の種類: 合成 DNA

配列番号：17 配列の長さ：23 配列の型：核酸	配列 ACGGAATTCA ATCTTACGGC C	鎖の数：一本鎖 トポロジー：直鎖状 配列の種類：合成 DNA	21
	配列 GCCAGGCGAG CGTGCCAAGG TTT	鎖の数：一本鎖 トポロジー：直鎖状 配列の種類：合成 DNA	23
	配列 GCCAGGCGAG GATGCCAAGG TTT	鎖の数：一本鎖 トポロジー：直鎖状 配列の種類：合成 DNA	23
	配列 GCCAGGCGAG TGTGCCAAGG TTT	鎖の数：一本鎖 トポロジー：直鎖状 配列の種類：合成 DNA	23
配列番号：20 配列の長さ：23 配列の型：核酸	配列 GCCAGGCGAG TTTGCCAAGG TTT	鎖の数：一本鎖 トポロジー：直鎖状 配列の種類：合成 DNA	23
	配列 GCCAGGCGAG CCTGCCAAGG TTT	鎖の数：一本鎖 トポロジー：直鎖状 配列の種類：合成 DNA	23
	配列 GCCAGGCGAG TCTGCCAAGG TTT	鎖の数：一本鎖 トポロジー：直鎖状 配列の種類：合成 DNA	23
	配列 GCCAGGCGAG TATGCCAAGG TTT	鎖の数：一本鎖 トポロジー：直鎖状 配列の種類：合成 DNA	23
配列番号：24 配列の長さ：23 配列の型：核酸	配列 GCCAGGCGAG GTTGCCAAGG TTT	鎖の数：一本鎖 トポロジー：直鎖状 配列の種類：合成 DNA	23
	配列 GCCAGGCGAG GTTGCCAAGG TTT	鎖の数：一本鎖 トポロジー：直鎖状 配列の種類：合成 DNA	23
	配列 GCCAGGCGAG GTTGCCAAGG TTT	鎖の数：一本鎖 トポロジー：直鎖状 配列の種類：合成 DNA	23
	配列 GCCAGGCGAG GTTGCCAAGG TTT	鎖の数：一本鎖 トポロジー：直鎖状 配列の種類：合成 DNA	23

【図面の簡単な説明】

【図1】図1は、染色体よりPCRにて増幅されたAK遺伝子断片よりp399AKY、p399AKY、更にBrevi.-oriを導入してp399AKYB、p399AK9Bを構築する過程を示したものである。p399AK9Bはp399AKYBと一塩基の違いがある他は全く同様な過程を経て構築されているので、一緒に（）付きで示した。

【図2】図2は野生型と変異型（Thr）AKのリジン、スレオニン、リジン+スレオニンによる阻害について調べたものである。リジン、スレオニン無添加時の活性を100%とし、添加時の活性を活性保持率（阻害解除度）として表わした。

【図3】図3は野生型および変異型8種のAKのリジンによる阻害の解除度について調べたものである。

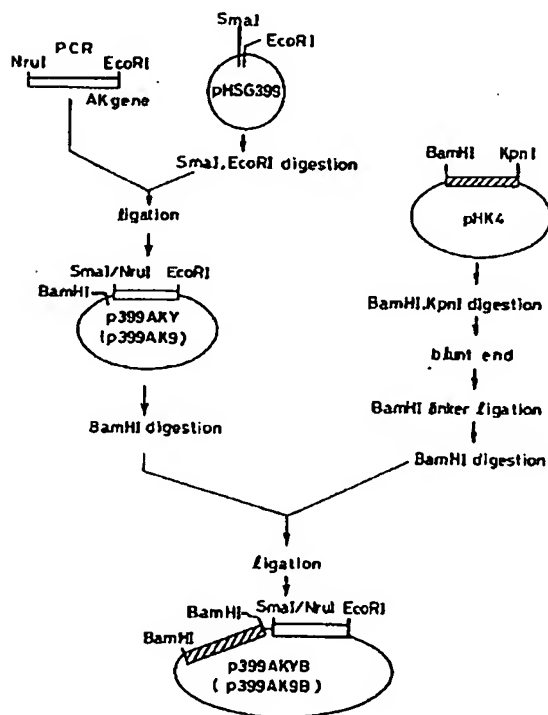
【図4】図4は野生型および変異型8種のAKのスレオニンによる阻害の解除度について調べたものである。

【図5】図5は野生型および変異型8種のAKのリジン+スレオニンによる協奏阻害の解除度について調べたものである。

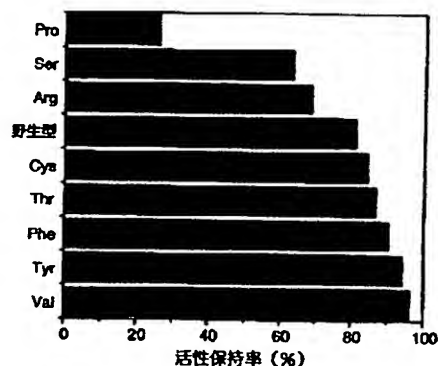
のである。

【図6】図6は野生型および変異型8種のAKの熱安定性について調べたものである。55℃、90分処理後の活性保持率を%で表わした。

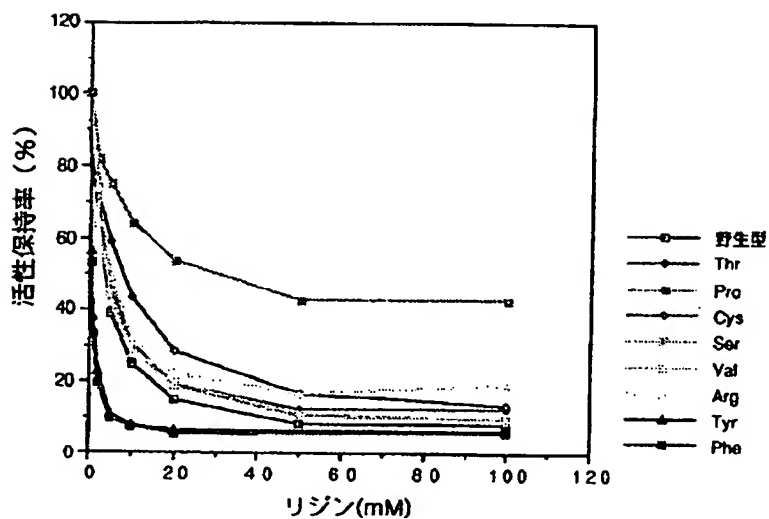
【図1】



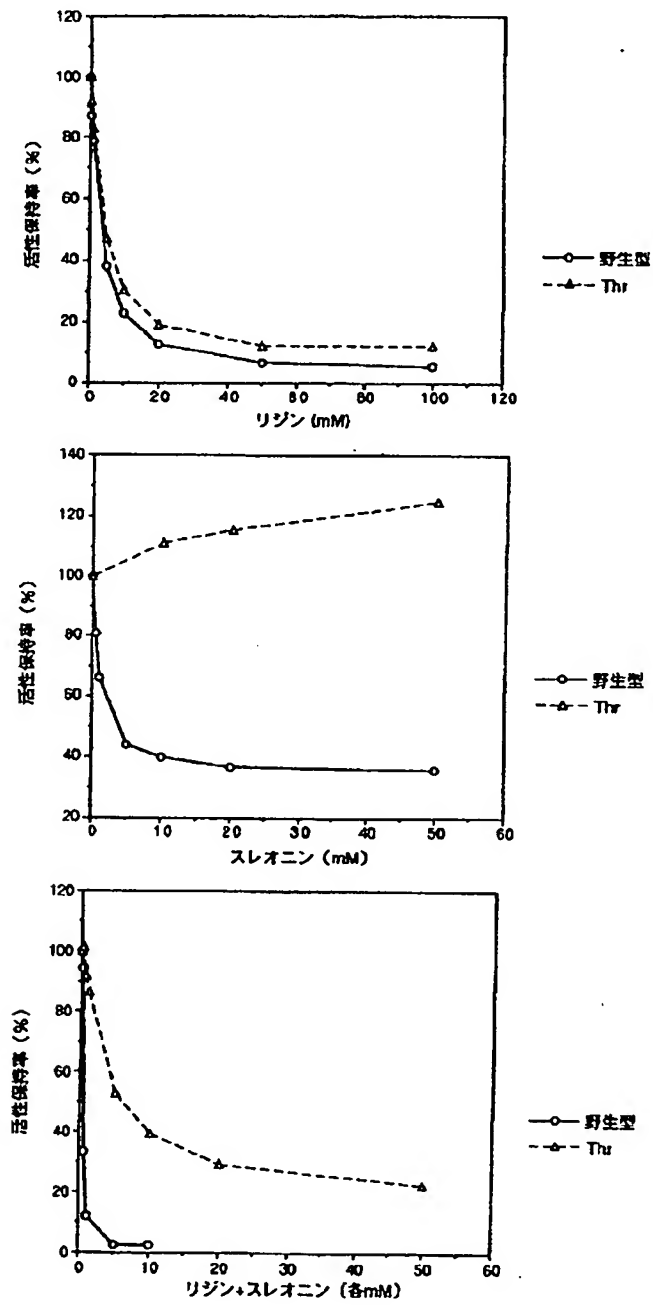
【図6】



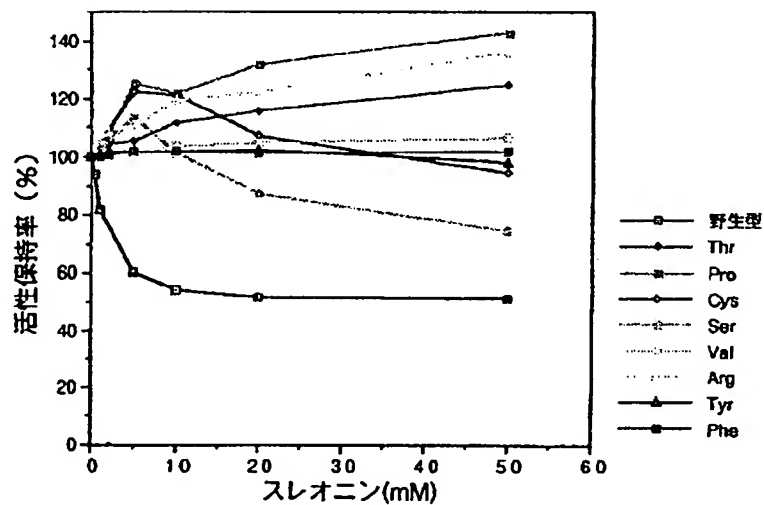
【図3】



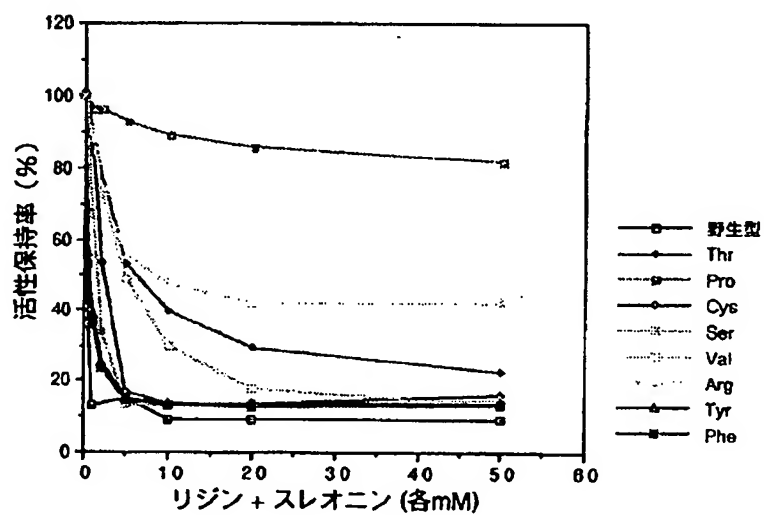
【図2】



【図4】



【図5】



フロントページの続き

(51) Int. Cl. ⁵

識別記号

庁内整理番号

F I

技術表示箇所

C 1 2 R 1:13)

(C 1 2 N 15/54

C 1 2 R 1:15)

(C 1 2 N 9/12

C 1 2 R 1:15)

(72)発明者 田中 朗子
神奈川県川崎市川崎区鈴木町1-1 味の
素株式会社中央研究所内

(72)発明者 松井 裕
神奈川県川崎市川崎区鈴木町1-1 味の
素株式会社中央研究所内